WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM Integnationales Büro

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation 6: (11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/53040 **A2** C12N 15/00 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 21. Oktober 1999 (21,10.99)

(21) Internationales Aktenzeichen:

PCT/DE99/01087

(22) Internationales Anmeldedatum:

7. April 1999 (07.04.99)

(30) Prioritätsdaten:

198 17 557.4

9. April 1998 (09.04.98)

DE

(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE).

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).

Veröffentlicht

NL, PT, SE).

Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.

(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, 1E, IT, LU, MC,

- (54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM OVARIAN TUMOUR TISSUE
- (54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS OVARTUMORGEWEBE
- (57) Abstract

The invention relates to human nucleic acid sequences - mRNA, cDNA, genome sequences - of ovarian tumour tissue, which code for gene products or parts of these products, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtained by way of these sequences and to the use of same.

(57) Zusammenfassung

Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen - mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Ovartumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
ΑT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Моласо	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE .	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
вв	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland		Republik Mazedonien	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauretanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten von
CA	Kanada	IT	Italien	MX	Mexiko .		Amerika
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	UZ.	Usbekistan
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	VN	Vietnam
СН	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik	NZ	Neusceland	ZW	Zimbabwe
СМ	Kamerun		Korea	PL	Polen .		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	ΚZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		•
EE	Estland .	LR	Liberia	SG	Singapur .		

WO 99/53040 PCT/DE99/01087

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovartumorgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovartumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung. Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist das Ovanalkarzinom, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirugische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenanten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

30

35

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschniebene Fehler weitgehenst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

5

10

15

20

25

35

50

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Ovanalkarzinom eine Rolle spielen.

Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

- a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273.
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 oder eine komplementäre oder allelische Vanante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, die im Ovartumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 27, 32, 42, 46, 67, 76, 78, 80, 85, 88, 90, 108, 112, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 hybridisieren.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer

25

40

45

dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, \$\phi\$X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatonscher Sequenz sind geignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacl, lacZ, T3, T7, gpt, lambda PR, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen k\u00f6nnen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfa\u00e4t.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tiensche oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Femer betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No 124-257, 274-307.

- Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No 124-257, 274-307 aufweisen.
- Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seg. ID No 1-123, 258-273 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

- Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.
- Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.
- Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.
 - Die Erfindung betrifft auch Phage-Display Phagen, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 kodiert werden.
- Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-305 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.
- Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovanalkarzinom verwendet werden können.
- 40 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-305 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.
- Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 124-257, 274-305 enthalten.
 - Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

50

5

15

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren. Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen 20

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der volliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und

genomische Gene (Chromosomen).

ORF =

25

30

10

15

Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren,

die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig =

eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer

Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden

können (Consensus)

Singleton =

ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

Modul = 35

Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen

vorkommt

N =

wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C

X =

40

wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

Erklärung zu den Alignmentparametern 45

minimal initial match =

minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read =

maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %

5 Erklärung der Abbildungen

	Fig. 1	zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
10	Fig. 2a	zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
	Fig. 2b1-2b4	zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
15	Fig. 3	zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
	Fig. 4a	zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
20	Fig. 4b	zeigt den elektronischen Northem
	Fig. 5	zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

10

35

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeg-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch emeut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorhengen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametem sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Ovartumorgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumorund Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

10

15

5

2.1 **Elektronischer Northern-Blot**

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig werden mittels eines Standardprogramms zur Homolgiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol., 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Research 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebedieser Partial-Sequenz S werden als spezifischen Vorkommenshäufigkeiten elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

25

20

2,1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 68 gefunden, die 6,08 .x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

30

35				
		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
	Blase	0.0195	0.0179	1.0896 0.9178
	Brust	0.0141	0.0244	0.5758 1.7366
40	Duenndarm	0.0184	0.0165	1.1122 0.8991
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645 6.0803
	Endokrines Gewebe	0.0136	0.0226	0.6038 1.6562
	Gastrointestinal	0.0211	0.0185	1.1390 0.8780
	Gehirn	0.0126	0.0082	1.5299 0.6536
45	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0110	0.0847	0.1300 7.6946
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706 0.6800
	Herz	0.0233	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000
50	Lunge	0.0062	0.0143	0.4355 2.2964
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000 undef
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930 1.2610
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966 0.8357
55	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000

	•			
	Prostata	0.0153	0.0043	3.5827 0.2791
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611 1.7821
	Uterus allgemein	0.0153	0.0000	undef 0.0000
5	Brust-Hyperplasie	0.0384		
	Prostata-Hyperplasie	0.0149		
	Samenblase			
	Sinnesorgane			
	Weisse Blutkoerperchen			
10	Zervix			
• •				
		FOETUS		•
		%Haeufigkeit		
15	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
	Haematopoetisch			
		0.0000		
20	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0178		
	Lunge	0.0108		
	Nebenniere	0.0254		
	Niere	0.0062		•
25	Placenta	0.0121		
	Prostata	0.0249		
	Sinnesorgane	0.0000		
20				
30		NORMIERTE/SU		BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0000		
	Eierstock_n			
3.5	Eierstock_t			
35	Endokrines_Gewebe			
		0.0047		
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
40		0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0040		
	Prostata	0.0479		
	Sinnesorgane	0.0000		•
45	Uterus_n	0.0083		
	-			

WO 99/53040

2.1.2

5

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 86 gefunden, die 7,82 x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

```
10
                               NORMAL
                                             TUMOR
                                                           Verhaeltnisse
                                %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                T/N
                                                           0.9153 1.0926
                         Blase 0.0117
                                             0.0128
                         Brust 0.0090
                                             0.0169
                                                           0.5293 1.8893
15
                     Duenndarm 0.0092
                                             0.0331
                                                           0.2781 3.5964
                     Eierstock 0.0030
                                             0.0234
                                                           0.1279 7.8175
             Endokrines Gewebe 0.0204
                                             0.0426
                                                           0.4795 2.0856
              Gastrointestinal 0.0211
                                             0.0185
                                                           1.1390 0.8780
                        Gehirn 0.0274
                                             0.0195
                                                           1.4020 0.7133
20
               Haematopoetisch 0.0107
                                             0.1136
                                                           0.0941 10.6267
                          Haut 0.0184
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
                     Hepatisch 0.0048
                                             0.0194
                                                           0.2451 4.0800
                          Herz 0.0307
                                             0.0137
                                                           2.2358 0.4473
                         Hoden 0.0115
                                             0.0819
                                                           0.14067.1142
25
                         Lunge 0.0104
                                             0.0286
                                                           0.3629 2.7557
                                             0.0153
            Magen-Speiseroehre 0.0290
                                                           1.8908 0.5289
                Muskel-Skelett 0.0188
                                             0.0300
                                                           0.6282 1.5918
                         Niere 0.0163
                                             0.0342
                                                           0.4758 2.1016
                      Pankreas 0.0132
                                             0.0110
                                                           1.1966 0.8357
30
                                             0.0000
                         Penis 0.0150
                                                           undef 0.0000
                                             0.0234
                                                           0.7445 1.3433
                      Prostata 0.0174
            Uterus_Endometrium 0.0270
                                             0.5277
                                                           0.0512 19.5264
             Uterus Myometrium 0.0229
                                             0.0408
                                                           0.5611 1.7821
              Uterus_allgemein 0.0000
                                             0.0000
                                                           undef undef
35
             Brust-Hyperplasie 0.0160
          Prostata-Hyperplasie 0.0297
                    Samenblase 0.0000
                  Sinnesorgane 0.0353
        Weisse Blutkoerperchen 0.0095
40
                        Zervix 0.0106
                                FOETUS
                                %Haeufigkeit
45
                   Entwicklung 0.0696
             Gastrointenstinal 0.0167
                         Gehirn 0.0626
               Haematopoetisch 0.0079
                           Haut 0.0000
50
                      Hepatisch 0.0000
             Herz-Blutgefaesse 0.0285
                          Lunge 0.0072
                     Nebenniere 0.0000
                          Niere 0.0062
55
                       Placenta 0.0303
                       Prostata 0.0997
                  Sinnesorgane 0.0126
60
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
                          Brust 0.0000
                    Eierstock n 0.0000
                    Eierstock_t 0.0000
65
              Endokrines_Gewebe 0.0245
```

Foetal 0.0000

```
Gastrointestinal 0.0000
Haematopoetisch 0.0000
Haut-Muskel 0.0097
Hoden 0.0000

Lunge 0.0000
Nerven 0.0010
Prostata 0.0000
Sinnesorgane 0.0155
Uterus_n 0.0000
```

2.1.3

20

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 114 gefunden, die 6,94.x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
25	Blase	0.0117	0.0026	4.5763 0.2185
	. Brust	0.0026	0.0075	0.3403 2.9389
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439 6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962 0.2944
30	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef.
35	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129 1.2302
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
40	Niere	0.0136	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236 0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
45	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
	Prostata-Hyperplasie	0.0089		
	Samenblase	0.0445		
50	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0213		
55		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
60	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0000		
65	Nebenniere	0.0000		

Niere 0.0062

WO 99/53040

Placenta 0.0000 Prostata 0.0000 Sinnesorgane 0.0000

5 .

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit

Brust 0.0136 Eierstock_n 0.0000 Eierstock_t 0.1418 Endokrines_Gewebe 0.0000 10 Foetal 0.0047 Gastrointestinal 0.0244 Haematopoetisch 0.0000 15 Haut-Muskel 0.0000 Hoden 0.0154 Lunge 0.0000 Nerven 0.0000 Prostata 0.0137 20 Sinnesorgane 0.0000 Uterus_n 0.0000

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northerns gefunden: 25

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

			min.co	******
30		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
30	71		%Haeufigkeit	
		0.0078	0.0077	1.0170 0.9833
		0.0179	0.0075	2.3818 0.4198
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
36	Eierstock		0.0364	0.3289 3.0402
35	Endokrines_Gewebe		0.0100	1.1887 0.8413
	Gastrointestinal		0.0139	0.9664 1.0348
	Gehirn		0.0103	0.5760 1.7362
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
	Haut	-	0.0000	undef 0.0000
40	Hepatisch		0.0129	0.7353 1.3600
	Herz		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0351	0.0000 undef
	Lunge	0.0052	0.0164	0.3175 3.1494
-	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef 0.0000
45	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994 1.0006
	Niere	0.0109	0.0068	1.5861 0.6305
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496 6.6857
	Penis	0.0180	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142 1.6282
50	Uterus Endometrium	0.0203	0.0000	undef 0.0000
	Uterus Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223 0.8911
	Uterus allgemein	0.0204	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160		
	Prostata-Hyperplasie	0.0089	•	
55	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse Blutkoerperchen	0.0061		
		0.0000		
60				
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	-		
	Gastrointenstinal	0.0083		
65	Gehirn			
	Haematopoetisch	0.0123		
	Haut	0.0000		
	naut	0.0000		

Hepatisch 0.0000

5	Nebenniere Niere Placenta Prostata	0.0145 0.0254 0.0000 0.0061 0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
10		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
		0.0136	
	Eierstock_n		
15	Eierstock_t Endokrines Gewebe		
	Foetal		
	Gastrointestinal	0.0122	
	Haematopoetisch	0.0057	
	Haut-Muskel		
20		0.0154	
	-	0.0164	
	Nerven Prostata		
	Sinnesorgane		
25	Uterus n		
	· –		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5	Place	•	%Haeufigkeit	N/T T/N undef undef
,		0.0000 0.0026	0.0000 0.0000	under dider
	Duenndarm		0.0000	undef undef
	Eierstock		0.0182	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal		0.0000	undef undef
	Gehirn		0.0010	1.4399 0.6945
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
15		0.0032	0.0000	undef 0.0000
		0.0058	0.0117	0.4920 2.0326
		0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett		0.0060	0.0000 undef
20		0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium		0.0000	undef undef
23	Uterus_Myometrium		0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie		0.0000	undef undef
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
50	Weisse Blutkoerperchen			
		0.0000		
	•			
35		FOETUS		
	Patri abluac	%Haeufigkeit		
	Entwicklung Gastrointenstinal			•
		0.0000		
40	Haematopoetisch			
	-	0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0000		
45	Nebenniere			
		0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
50				
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
		0.0035		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
	_	0.0082		
65		0.0020	•	
93	Prostata Sinnesorgane			
	Uterus n			
	ocerus_n	0.000		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763 0.2185
		0.0064	0.0019	3.40260.2939
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0130	0.0000 undef
	Endokrines Gewebe		0.0075	0.4528 2.2083
10	Gastrointestinal		0.0093	0.0000 undef
	Gehirn		0.0000	undef undef
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15	•	0.0085	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
20		0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
		0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0000	undef 0.0000
	Uterus Endometrium		0.0000	undef 0.0000
25 -	Uterus Myometrium		0.0068	0.0000 undef
23	Uterus allgemein			
		· ·	0.1908	0.0267 37.4714
	Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
30	Weisse Blutkoerperchen		•	
	Weisse_Bluckoerperchen Zervix			
	Zervix	0.0106		
35		FOETUS		
-		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	-		
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
40	Haematopoetisch			
	-	0.0000		
/	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
	-	0.0000		
45	Nebenniere			
		0.0062		
	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane			
50	Simesorgane	0.0000		
		NORMTERTE/SIL	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
55	Eierstock n			
-	Eierstock t			
	Endokrines Gewebe			
		0.0064		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
50	Haut-Muskel			
		0.0065		
		0.0164		
65		0.0000		
93	Prostata Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0000		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_			%Haeufigkeit	
5		0.0000	0.0026	0.0000 undef
		0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm		0.0000	undef undef
	Eierstock		0.0572	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe		0.0075	0.4528 2.2083
10	Gastrointestinal Gehirn		0.0093 0.0021	0.2071 4.8289 1.0799 0.9260
	Haematopoetisch		0.0379	0.0353 28.337
	•	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0065	0.0000 undef
15	•	0.0053	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0104	0.0041	2.5402 0.3937
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
		0.0030	0.0000	undef 0.0000
,	Prostata	0.0022	0.0000	undef 0.0000
	Uterus Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus Myometrium		0.0000	undef undef
	Uterus allgemein		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse Blutkoerperchen	0.0035		
	Zervix	0.0106		
25	· ·			
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			i
	Gastrointenstinal		•	
40	•	0.0000		
40	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch		•	
	Herz-Blutgefaesse	0.0036		
45	Nebenniere			
7.5		0.0062		
	Placenta			·
	Prostata			•
	Sinnesorgane			•
50	Dimetologune	0.0201		
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
55	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
		0.0093	•	
60	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.0000		
45		0.0060		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0208		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	
5		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm		0.0000	undef undef
	Eierstock		0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal		0.0000	undef undef
	Gehirn		0.0000	undef undef
	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	_	0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse Blutkoerperchen	0.0000		
		0.0000		
25				•
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
40		0.0000		
40	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
	-	0.0000		
45	Nebenniere	0.0000		•
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
50				
	•		BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
	_	%Haeufigkeit		
		0.0000		
55	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
		0.0012		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel	0.0000	•	
	Hoden	0.0000		
	· Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0000		
65	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000	_	
	Uterus_n	0.0000	•	
	_			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	71	%Haeufigkeit	-	
5		0.0039 0.0141	0.0128	0.3051 3.2777
	Duenndarm		0.0075 0.0165	1.8715 0.5343 0.7415 1.3487
	Eierstock		0.0390	0.3070 3.2573
	Endokrines Gewebe		0.0376	0.7698 1.2990
10	Gastrointestinal		0.0324	0.6508 1.5365
••		0.0126	0.0144	0.8742 1.1439
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0184	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0194	0.2451 4.0800
15	•	0.0106	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0218	0.0204	1.0669 0.9373
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2605 0.7933
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0000	undef 0.0000
20	Niere	0.0190	0.0205	0.9252 1.0808
	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974 1.1143
	Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0109	0.0106	1.0236 0.9769
	Uterus_Endometrium		0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium		0.0408	0.3741 2.6732
	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			•
	Zervix	0.0319		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung		•	
	Gastrointenstinal			
		0.0063		
40	Haematopoetisch			
	Haut			
	Hepatisch			•
	Herz-Blutgefaesse			
45	-	0.0181		•
43	Nebenniere			
		0.0185		
	Placenta Prostata			
	Sinnesorgane			
50	STIMESOTGAME	0.0231		
30				
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE B	IBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0476		
55	Eierstock_n	0.3190		
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
		0.0151		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch		•	
	Haut-Muskel			
		0.0309		
		0.0082		
65		0.0010	•	
65	Prostata			•
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0438		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5		0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust		0.0113	0.2268 4.4083
	Duenndarm		0.0331	0.0927 10.7893
	Eierstock		0.0182	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe		0.0050	1.0189 0.9815
10	Gastrointestinal		0.0139	0.4142 2.4145
	Gehirn		0.0010	2.8798 0.3472
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0065	0.0000 undef
15		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0062	0.0123	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
20	•	0.0163	0.0205	0.7930 1.2610
	Pankreas		0.0055	0.2991 3.3428
		0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0021	0.0000 undef
25	Uterus_Endometrium		0.0000	undef undef
23	Uterus_Myometrium		0.0000	undef undef undef undef
	Uterus_allgemein 'Brust-Hyperplasie		0.0000	under under
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			•
30	Sinnesorgane			
50	Weisse Blutkoerperchen			
		0.0106		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
40	Gehirn			
40	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
45	Nebenniere	0.0072		
73		0.0000		
	Placenta		•	
	Prostata			
	Sinnesorgane			
50	ozcoorgane	0.0000		
			BTRAHIERTE BI	
		%Haeufigkeit		1
		0.0000		
55	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
		0.0052		
60	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
	•	0.0000		
65	nerven Prostata	0.0120		
05	Sinnesorgane			
	Uterus n			,
	ocerus_n	0.0042		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
•	Place		%Haeufigkeit	
5		0.0000 0.0064	0.0000	undef undef 1.7013 0.5878
	Duenndarm		0.0038 0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0156	0.0000 undef
	Endokrines Gewebe		0.0135	0.5434 1.8403
10	Gastrointestinal		0.0046	0.0000 undef
	Gehirn		0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
15	Herz	0.0042	0.0137	0.3084 3.2426
	Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000
	-	0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0060	0.0000 undef
20		0.0054	0.0068	0.7930 1.2610
	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
		0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium		0.0000	undef undef
23	Uterus_Myometrium Uterus allgemein		0.0068 0.0000	0.0000 undef
	Brust-Hyperplasie		0.0000	undef undef
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse Blutkoerperchen			
	Zervix			
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
40		0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0000		
45	Nebenniere			
		0.0062		
	Placenta			
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
50	_			
			BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0000		
55	Eierstock_n			
	Eierstock_t			i
	Endokrines_Gewebe		•	
	Foetal Gastrointestinal	0.0111		
60	Haematopoetisch			
00	Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.0000		
	-	0.0020		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus n			
		-		

		NORMAL	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
		0.0038	0.0019	2.0416 0.4898
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0208	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe		0.0201	0.1698 5.8889
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314 0.8839
	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
		0.0037	0.0000	undef 0.0000
1.5	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0021	0.0000	undef 0.0000
		0.0058	0.0000	undef 0.0000
		0.0010	0.0020	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
		0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata Uterus Endometrium		0.0043 0.1583	1.5354 0.6513
25	Uterus Myometrium		0.0000	0.0427 23.431
	Uterus allgemein		0.0000	undef 0.0000 undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie		0.0000	under 0.0000
	Prostata-Hyperplasie	•		
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse Blutkoerperchen			
	-	0.0000		
35	\	FOETUS		
	P-4: -1-1	%Haeufigkeit		,
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
40	Haematopoetisch	0.0000		
10		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0036		
45	Nebenniere			
-		0.0062		
	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
50	_			
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0000		
55	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
		0.0093		
60	Gastrointestinal			
30	Haematopoetisch Haut-Muskel			
		0.0032		
		0.0000		
		0.0100		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			•
	Uterus n			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss
_		_	%Haeufigkeit	N/T T/N
5		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0013	0.0019	0.6805 1.4694
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0182	0.0000 undef
• •	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal		0.0000	undef undef
	Gehirn		0.0000	undef undef
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0011	0.0000	undef 0.0000
		0.0000 .	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0000		•
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000	•	
	Gastrointenstinal	0.0000		
	Gehirn	0.0125		
40	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000	•	
	Lunge	0.0000		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
50				
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEREN
		%Haeufigkeit	DI	
	Brust	0.0000		
55	Eierstock n			
	Eierstock_t			
	Endokrines Gewebe			
	_	0.0023		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.0000		
	_	0.0000		
65	Prostata			
03	Sinnesorgane			
	Uterus n			
	oceins_n	0.0000		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_			%Haeufigkeit	
5		0.0156	0.0026	6.1018 0.1639
		0.0102	0.0038	2.7221 0.3674
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock Endokrines Gewebe		0.0208 0.0201	0.0000 undef 0.8491 1.1778
10	Gastrointestinal		0.0201	undef 0.0000
10	Gehirn		0.0072	1.7485 0.5719
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
	-	0.0220	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0065	0.7353 1.3600
15		0.0053	0.0000	undef 0.0000
		0.0173	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0093	0.0061	1.5241 0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0180	0.7615 1.3133
20	Niere	0.0054	0.0479	0.1133 8.8268
	Pankreas		0.0055	1.4957 0.6686
		0.0150	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0021	4.0945 0.2442
3.5	Uterus_Endometrium		0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium		0.0068	5.6113 0.1782
	Uterus_allgemein		0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
30	Samenblase Sinnesorgane			
50	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix			
	331120			
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
40	Gehirn			
40	Haematopoetisch	0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0072		
45	Nebenniere			
	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·	0.0247		
	Placenta			
	Prostata	0.0249		
	Sinnesorgane	0.0000		
50				
		NODWIEDER (ON	Dan 2 11 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2	
•			BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
	Princt	%Haeufigkeit 0.0000		
55	Eierstock n			
	Eierstock t			
	Endokrines Gewebe			•
		0.0082		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch	0.0057		
	Haut-Muskel	0.0259		
		0.0154		
		0.0082		
		0.0040		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0042		

			•	
		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss
	-1	%Haeufigkeit	_	
5		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0026	0.0019	1.3611 0.7347
	Duenndarm Eierstock		0.0000	undef undef
	Endokrines_Gewebe		0.0156	0.0000 undef
10	Gastrointestinal		0.0000	undef undef undef undef
••		0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0011	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0010	0.0020	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473 0.4885
	Uterus Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
		0.0000		
40	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch		•	
	Herz-Blutgefaesse			
45		0.0000		
43	Nebenniere			
		0.0000		
	Placenta Prostata			
	_			
50	Sinnesorgane	0.0000		
-			•	
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE B	IBLIOTHEKEN
	Device	%Haeufigkeit 0.0068		
55	Eierstock n			
"	Eierstock t			
	Endokrines Gewebe			
	-	0.0000		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch	-		
- •	Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.0000		
	_	0.0020		
65	Prostata	•		
	Sinnesorgane			
	Uterus n			
		· -		

	•	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	_		%Haeufigkeit	
5		0.0039	0.0026	1.5254 0.6555
		0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm		0.0000	undef undef
	Eierstock		0.0156	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe		0.0025	1.3585 0.7361
10	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
		0.0015	0.0010	1.4399 0.6945 undef undef
	Haematopoetisch	0.0073	0.0000 0.0000	under under undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000
15		0.0032	0.0000	undef 0.0000
13		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0021	0.0020	1.0161 0.9842
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0120	0.7139 1.4008
20		0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
		0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0064	1.3648 0.7327
	Uterus Endometrium		0.0000	undef undef
25	Uterus Myometrium		0.0000	undef undef
	Uterus allgemein		0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse Blutkoerperchen	0.0035		
	-	0.0000		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0056		
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0079		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0072		
45	Nebenniere			
		0.0000	•	•
	Placenta			
	Prostata			
50	Sinnesorgane	0.0000		
30				
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0000		
55	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
		0.0017	•	·
60	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			•
	Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.0000		
45		0.0010		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus_r	0.0000		

			TUMOR	Verhaeltnisse
5	21.00		%Haeufigkeit	
)		0.0117 0.0307	0.0179 0.0226	0.6538 1.5296 1.3611 0.7347
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0338	0.2657 3.7640
	Endokrines Gewebe		0.0050	0.6792 1.4722
10	Gastrointestinal		0.0185	1.0354 0.9658
	Gehirn		0.0133	0.5538 1.8057
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef 0.0000
		0.0257	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353 1.3600
15	Herz	0.0148	0.0137	1.0794 0.9265
	Hoden	0.0115	0.0000	undef 0.0000
		0.0353	0.0164	2.1591.0.4631
	Magen-Speiseroehre		0.0077	5.0421 0.1983
	Muskel-Skelett		0.0120	1.2850 0.7782
20		0.0163	0.0274	0.5948 1.6813
	Pankreas		0.0166	1.1966 0.8357
		0.0090	0.0267	0.3369 2.9678
	Prostata		0.0064	3.0709 0.3256
25	Uterus_Endometrium		0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium Uterus allgemein		0.0000	undef 0.0000 undef undef
	Brust-Hyperplasie		0.0000	ander ander
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
-	Weisse Blutkoerperchen			
		0.0426		
35		F0ETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
40		0.0063		
40	Haematopoetisch	0.0039		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
	-	0.0181		
45	Nebenniere			
		0.0000		
	Placenta	0.0061		•
	Prostata	0.0499		
	Sinnesorgane	0.0126		•
50				
			BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
	-	%Haeufigkeit		
		0.0136		
55	Eierstock_n Eierstock t			
	Endokrines Gewebe			
		0.0000		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0077		
		0.0164		
		0.0110		
65	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0458		
				

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	N/T T/N
5		0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm		0.0165	0.1854 5.3946
	Eierstock		0.0234	0.1279 7.8175
	Endokrines_Gewebe		0.0125	0.0000 undef
10	Gastrointestinal		0.0046	0.0000 undef
	Gehirn		0.0021	2.1599 0.4630
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	•	0.0048	0.0065	0.7353 1.3600
13		0.0042	0.0000	undef 0.0000 0.0000 undef
		0.0104	0.0117 0.0041	2.5402 0.3937
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0060	0.0000 undef
20		0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
		0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0021	1.0236 0.9769
	Uterus Endometrium		0.0000	undef undef
25	Uterus Myometrium		0.0000	undef undef
	Uterus allgemein		0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie		0.0000	
	Prostata-Hyperplasie		•	
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse Blutkoerperchen			•
		0.0319		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
40	Gehirn			
40	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
45	-	0.0000		
43	Nebenniere			
		0.0062		
	Placenta Prostata		+	
	Sinnesorgane			
50	Simesorgane	0.0231		
50				
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
55	Eierstock n			,
	Eierstockt			
	Endokrines Gewebe			
	Foetal	0.0128	•	
	Gastrointestinal	0.0000		
60	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel			
	Hoden	0.0077		
	Lunge	0.0164		
	Nerven	0.0100		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0333		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5	Dlane	-	%Haeufigkeit	
J		0.0000 0.0000	0.0000 0.0019	undef undef 0.0000 undef
	Duenndarm		0.0000	undef undef
	Eierstock		0.0130	0.0000 undef
	Endokrines Gewebe		0.0050	0.0000 undef
10	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
10	Gastronicestinai		0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15	•	0.0000	0.0000	undef undef
13		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0020	0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre		0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Endometrium		0.0000	undef undef
25	Uterus Myometrium		0.0000	undef undef
23	Uterus allgemein		0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie		0.0000	ander ander
	Prostata-Hyperplasie		•	
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
50	Weisse_Blutkoerperchen			
		0.0000	•	
	Belvix	0.0000		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0000		
	-	0.0000	•	
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0071		
	Lunge	0.0000		
45	Nebenniere	0.0000		
•	Niere	0.0062		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
50				
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0051		
	Endokrines_Gewebe	0.0245 ^		
	Foetal	0.0029		
	Gastrointestinal	0.0000		
60	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0065		
		0.0077		
•	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0020		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0042		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef 0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805 1.4694
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399 0.6945
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0032	0.0137	0.2313 4.3235
		0.0000	0.0000	undef undef
	_	0.0073	0.0020	3.5562 0.2812
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
20		0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0021	2.0473 0.4885
0.5	Uterus_Endometrium		0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium		0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein		0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
30	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen Zervix			
	Zelvix	0.0000		
	$\epsilon = t$			
35		FOETUS		
	•	%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0000		
	Gehirn	0.0063		
40	Haematopoetisch	0.0039		
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
	_	0.0000		
45	Nebenniere			
		0.0000		
	Placenta			
	Prostata			
50	Sinnesorgane	0.0000		
J U				
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0029		•
	Gastrointestinal	0.0000		
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
	_	0.0000	•	
		0.0000		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0000		

		NORMAI	TUMOR	Varbool to food
		NORMAL	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock		0.0130	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal		0.0000	undef undef
	Gehirn		0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
15	<u>-</u>	0.0000	0.0000	undef undef undef undef
••		0.0000	0.0000	under under
		0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0000	undef undef
26	Uterus_Endometrium		0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium		0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie		0.0000	undef undef
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0000		
35		FORMUC		
<i>J J</i>		FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung			•
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
40	Haematopoetisch	0.0000		
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
45	Lunge Nebenniere	0.0000		
٠, د٠		0.0000		
	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane			
50				
		NORMIERTE/SUR %Haeufigkeit	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
	Brust	0.0000		
55	Eierstock n			
	Eierstock t			
`	Endokrines Gewebe	-		
	Foetal	0.0000		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		•
		0.0000		
65	nerven Prostata	0.0020		
33	Sinnesorgane			
	Uterus n			
			,	

```
NORMAL
                                            TUMOR
                                                          Verhaeltnisse
                               %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
5
                         Blase 0.0000
                                            0.0026
                                                          0.0000 undef
                         Brust 0.0000
                                            0.0000
                                                          undef undef
                     Duenndarm 0.0000
                                            0.0165
                                                          0.0000 undef
                     Eierstock 0.0000
                                            0.0156
                                                          0.0000 undef
             Endokrines Gewebe 0.0000
                                                          undef undef
                                            0.0000
10
              Gastrointestinal 0.0000
                                                          undef undef
                                            0.0000
                                            0.0000
                                                          undef 0.0000
                       Gehirn 0.0007
               Haematopoetisch 0.0000
                                            0.0000
                                                          undef undef
                        Haut 0.0000
                                            0.0000
                                                          undef undef
                     Hepatisch 0.0000
                                            0.0000
                                                          undef undef
15
                         Herz 0.0000
                                            0.0000
                                                          undef undef
                         Hoden 0.0000
                                            0.0000
                                                          undef undef
                         Lunge 0.0000
                                            0.0000
                                                          undef undef
            Magen-Speiseroehre 0.0000
                                            0.0000
                                                          undef undef
               Muskel-Skelett 0.0000
                                            0.0000
                                                          undef undef
20
                         Niere 0.0000
                                                          0.0000 undef
                                            0.0068
                      Pankreas 0.0000
                                            0.0000
                                                          undef undef
                        Penis 0.0000
                                            0.0000
                                                          undef undef
                                            0.0000
                      Prostata 0.0000
                                                          undef undef
            Uterus_Endometrium 0.0000
                                            0.0000
                                                          undef undef
25
             Uterus Myometrium 0.0000
                                            0.0000
                                                          undef undef
              Uterus_allgemein 0.0000
                                            0.0000
                                                          undef undef
             Brust-Hyperplasie 0.0000
          Prostata-Hyperplasie 0.0000
                   Samenblase 0.0000
                  Sinnesorgane 0.0000
        Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
                        Zervix 0.0000
35
                               FOETUS
                               %Haeufigkeit
                   Entwicklung 0.0000
             Gastrointenstinal 0.0000
                        Gehirn 0.0000
40
               Haematopoetisch 0.0000
                         Haut 0.0000
                     Hepatisch 0.0000
             Herz-Blutgefaesse 0.0000
                         Lunge 0.0000
45
                    Nebenniere 0.0000
                         Niere 0.0000
                      Placenta 0.0000
                      Prostata 0.0000
                  Sinnesorgane 0.0000
50
                               NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                               %Haeufigkeit
                         Brust 0.0000
55
                   Eierstock n 0.0000
                   Eierstock_t 0.0000
             Endokrines_Gewebe 0.0000
                        Foetal 0.0000
              Gastrointestinal 0.0000
60
               Haematopoetisch 0.0000
                   Haut-Muskel 0.0000
                         Hoden 0.0000
                         Lunge 0.0000
                        Nerven 0.0000
65
                      Prostata 0.0000
                  Sinnesorgane 0.0000
                      Uterus_n 0.0000
```

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_			%Haeufigkeit	
5		0.0000	0.0051	0.0000 undef
		0.0051	0.0019 0.0331	2.7221 0.3674
	Eierstock		0.0182	0.0927 10.7893 0.0000 undef
	Endokrines Gewebe		0.0100	0.3396 2.9444
10	Gastrointestinal		0.0093	1.0354 0.9658
••	Gehirn		0.0021	2.8798 0.3472
	Haematopoetisch		0.0379	0.0000 undef
	-	0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0129	0.0000 undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774 1.4763
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0027	0.0137	0.1983 5.0439
	Pankreas		0.0055	1.7949 0.5571
		0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0021	0.0000 undef
25	Uterus_Endometrium		0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium		0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein		0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie Samenblase			
30	Sinnesorgane			
50	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0017		
	bervin	0.0000		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0139		
	Gastrointenstinal	0.0000		
	Gehirn			
40	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
45	Lunge Nebenniere	0.0000		
43		0.0000		
	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane			
50	·			
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		•
55	Eierstock n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
		0.0000		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.0000		
45		0.0000		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0000		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0195	0.0077	2.5424 0.3933
		0.0064	0.0075	0.8507 1.1756
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0130	0.0000 undef
				0.6792 1.4722
10	Endokrines_Gewebe		0.0226	
10	Gastrointestinal		0.0093	0.8283 1.2072
	Gehirn		0.0092	0.8800 1.1364
	Haematopoetisch		0.0379	0.1764 5.6676
	Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451 4.0800
15	Herz	0.0106	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129 1.2302
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett		0.0180	0.5711 1.7510
20		0.0081	0.0068	1.1896 0.8406
20	Pankreas			
			0.0000	undef 0.0000
		0.0329	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0064	2.3885 0.4187
	Uterus_Endometrium		0.1055	0.1280 7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445 0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059	•	•
	Samenblase			
30 .	Sinnesorgane			
	Weisse Blutkoerperchen			
	Zervix			
	Tervix	0.0100	•	
	•			
25		DODBUG		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal	0.0056		
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0157		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0000		•
45	Nebenniere			
		0.0000		
	Placenta			
	Prostata			
50	Sinnesorgane	0.0000		
50				
				·
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOT			
		%Haeufigkeit		
		0.0136		•
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock t	0.0203		
	Endokrines Gewebe	0.0245		
		0.0099		•
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
-	Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.0246		•
		0.0060		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0250		

				•
		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
-			%Haeufigkeit	
5		0.0039	0.0204	0.1907 5.2444
		0.0141	0.0263	0.5347 1.8702
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0312	0.2878 3.4745
10	Endokrines_Gewebe		0.0150	0.9057 1.1042
10	Gastrointestinal		0.0185	1.0354 0.9658
	Gehirn Haematopoetisch		0.0113	1.9635 0.5093
		0.0034	0.0000 0.0000	undef 0.0000 undef 0.0000
	Hepatisch		0.0129	0.36762.7200
15		0.0148	0.0000	undef 0.0000
13		0.0000	0.0234	0.0000 undef
		0.0135	0.0123	1.1007 0.9085
	Magen-Speiseroehre		0.0153	0.6303 1.5866
	Muskel-Skelett		0.0300	0.6282 1.5918
20		0.0163	0.0205	0.7930 1.2610
	Pankreas		0.0221	0.3739 2.6743
		0.0090	0.0267	0.3369 2.9678
	Prostata		0.0043	2.5591 0.3908
	Uterus Endometrium		0.0000	undef 0.0000
25	Uterus Myometrium		0.0204	0.3741 2.6732
	Uterus allgemein		0.0954	0.1067 9.3678
	Brust-Hyperplasie		0.0334	
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse Blutkoerperchen			
		0.0000		
35		FOETUS	•	
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
		0.0000		
40	Haematopoetisch			•
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
45		0.0072		
45	Nebenniere		•	
		0.0124		
	Placenta			
	Prostata		•	
50	Sinnesorgane	0.0000		•
30				
		NODMIEDTE/SII	DED TEDES DE	DI TOTUEVEN
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
	Brust	0.0000		
55	Eierstock n			
	Eierstock t			
•	Endokrines Gewebe			
		0.0058		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
C C	Haut-Muskel			
		0.0154		
		0.0164		
		0.0060		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus n			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	D .	%Haeufigkeit	_	
5		0.0234	0.0204	1.1441 0.8741
		0.0192	0.0470	0.4083 2.4491
	Duenndarm Eierstock		0.0000	undef 0.0000
	Endokrines Gewebe		0.0546	0.1645 6.0803
10	Gastrointestinal		0.0075 0.0416	2.7170 0.3681 0.6443 1.5522
10	Gehirn		0.0154	0.2400 4.1669
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
	-	0.0073	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0259	1.8382 0.5440
15		0.0095	0.0412	0.2313 4.3235
		0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0166	0.0184	0.9032 1.1072
	Magen-Speiseroehre		0.0460	0.8404 1.1900
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0300	0.2284 4.3775
20	Niere	0.0543	0.0411	1.3217 0.7566
	Pankreas	0.0363	0.0110	3.2906 0.3039
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246 4.4517
	Prostata	0.0218	0.0128	1.7060 0.5862
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium		0.0136	0.0000 undef
	Uterus_allgemein		0.0954	0.0534 18.7357
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
20	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0106		•
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal			
		0.0000		
40	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
45		0.0000		
45	Nebenniere			
		0.0062		
	Placenta			
	Prostata			
50	Sinnesorgane	0.0000		
50				
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0204		
55	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			•
	•	0.0017		•
60	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
•	-	0.0000		
65		0.0040		
U 5	Prostata Sinnesorgane			
	Uterus n			
	orerns"u	0.0003		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_		%Haeufigkeit		
5		0.0000	0.0026	0.0000 undef
		0.0013	0.0038	0.3403 2.9389
	Duenndarm Eierstock		0.0000	undef undef
	Endokrines Gewebe		0.0130 0.0000	0.0000 undef undef 0.0000
10	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
	Gehirn		0.0051	1.4399 0.6945
	Haematopoetisch		0.0379	0.0706 14.1689
		0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15	-	0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930 1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
		0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0128	0.1706 5.8615
	Uterus_Endometrium		0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium		0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein		0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
30	Samenblase			
50	Sinnesorgane Weisse Blutkoerperchen			
	Zervix			
	2C1 V1X	0.0000		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
40	Haematopoetisch		•	
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
45	Nebenniere	0.0036		
70		0.0124		
	Placenta	•		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
50				
			BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		•
		0.0000		
55	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
		0.0041		
60	Gastrointestinal		,	
UU	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel	0.0000		
		0.0000		
		0.0030		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus n			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000 undef
•		0.0090	0.0038	2.3818 0.4198
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0156	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887 0.8413
10	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
	Gehirn		0.0031	0.4800 2.0835
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	_	0.0010	0.0041	0.2540 3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas			
			0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591 0.3908
	Uterus Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280 7.8106
25	Uterus Myometrium		0.0136	0.0000 undef
	Uterus_allgemein		0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie			
•	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse Blutkoerperchen			
		0.0213		
	Zervix	0.0213		
35		FOETUS		
33				
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal	0.0028		
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0039		
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
	Lunge	0.0217		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0124		
	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
50				
		•	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0136		
55	Eierstock n	0.0000		
	Eierstock t			
	Endokrines Gewebe			
		0.0076		
	Gastrointestinal	0.0000		
60	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.0000		
		0.0030		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus n			
	-			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0019	0.0000 undef
	Duenndarm		0.0000	undef undef
	Eierstock		0.0130	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal		0.0000	undef undef
	Gehirn		0.0000	undef undef
	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
	. Haut Hepatisch	0.0000	0.0000 0.0000	undef undef undef undef
15	•	0.0000	0.0000	undef undef
1.5		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0010	0.0020	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
20		0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0021	0.0000 undef
	Uterus_Endometrium		0.0000	undef undef
25	Uterus Myometrium		0.0000	undef undef
•	Uterus allgemein		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009	•	
	Zervix	0.0000		
25		E0000110		
35		FOETUS		
	Panui akluma	%Haeufigkeit		
	Entwicklung Gastrointenstinal			
		0.0000		
40	Haematopoetisch			
-10		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
	_	0.0000		
45	Nebenniere			
		0.0062		
	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
50				
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0000		•
55	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
	Foetal		,	
(0	Gastrointestinal		•	
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.0000		
45		0.0020		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus_r	0.0000		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_			%Haeufigkeit	
5		0.0078	0.0026	3.0509 0.3278
	•	0.0038	0.0113	0.3403 2.9389
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0702	0.0426 23.4526
10	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal Gehirn		0.0278	2.0018 0.4995
			0.0010 0.0000	0.0000 undef undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	under under
	Hepatisch		0.0323	0.0000 undef
15	-	0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0062	0.0082	0.7621 1.3122
	Magen-Speiseroehre		0.0077	1.2605 0.7933
	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000 undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0065	0.0255	0.2559 3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0213		
35		FOETUS		
33		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	-		
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
40	Haematopoetisch			
	-	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0036		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta			
	Prostata			
60	Sinnesorgane	0.0000		
50		•		
		NODMIEDTE /CO	DWDAUTEDME DT	DI TORUEVEN
		%Haeufigkeit	BTRAHIERTE BI	PLICINEVEN
	Brust	0.0000		
55	Eierstock n			
	Eierstock t			
	Endokrines Gewebe			
		0.0017		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0077		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0000		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0000		

_			TUMOR %Haeufigkeit	
5		0.0039	0.0026 0.0019 0.0000	1.5254 0.6555 0.0000 undef undef undef
	Eierstock		0.0130	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal		0.0046	0.0000 undef
	Gehirn		0.0010	0.0000 undef
	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0037	0.0000 0.0000	undef 0.0000 undef undef
15		0.0032	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0021	0.0123	0.1693 5.9051
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
20		0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0000 0.0000	undef undef undef undef
	Uterus Endometrium		0.0000	undef undef
25	Uterus Myometrium		0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein		0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen Zervix	0.0000		•
35		FOETUS		
	Entricklung	%Haeufigkeit		
	Entwicklung Gastrointenstinal			
		0.0000		
40	Haematopoetisch			
		0.0000		•
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse			,
46	-	0.0000		
45	Nebenniere			
	Niere Placenta	0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
50	,			
		NORMTERTE/SI	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
55	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
		0.0000		
60	Gastrointestinal Haematopoetisch			
30	Haut-Muskel			
	-	0.0000		
		0.0000		
	-	0.0000		
65	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0000		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5	Dlane	-	%Haeufigkeit	
,		0.0000	0.0000 0.0075	undef undef 0.5104 1.9593
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0156	0.0000 undef
	Endokrines Gewebe		0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
_	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden		0.0000	undef undef
		0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0153	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
20		0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium Uterus Myometrium		0.0000	undef undef
23.	Uterus allgemein		0.0000 0.0000	undef undef undef
	Brust-Hyperplasie		0.0000	under under
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase		•	
30	Sinnesorgane			
	Weisse Blutkoerperchen			
		0.0000		
35		FOETUS		
	·	%Haeufigkeit		
	Entwicklung	·-		
	Gastrointenstinal	0.0028		
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0000		
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
45	-	0.0000		
45	Nebenniere			
		0.0000		
	Placenta			
	Prostata			
50	Sinnesorgane	0.0000		
			BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
55		0.0000		
33	Eierstock_n Eierstock t			
	Endokrines Gewebe			
		0.0000		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
00	Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.0000	•	
		0.0000		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0042		

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkei	Verhaeltnisse t N/T T/N
5		0.0663	0.0741	0.8942 1.1183
		0.0640	0.0846	0.7561 1.3225
	Duenndarm Eierstock		0.0165	6.6733 0.1499
	Endokrines Gewebe		0.1951 0.0426	0.4912 2.0358 1.1987 0.8343
10	Gastrointestinal		0.1527	0.7781 1.2851
	Gehirn		0.0863	0.6771 1.4769
	Haematopoetisch		0.1136	0.8940 1.1186
	-	0.0698	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0776	0.0613 16.319
15	Herz	0.1304	0.0000	undef 0.0000
		0.0230	0.0819	0.2811 3.5571
		0.1620	0.1227	1.3209 0.7571
	Magen-Speiseroehre		0.1073	0.5402 1.8511
20	Muskel-Skelett		0.0480	2.1773 0.4593
20		0.0516	0.0959	0.5381 1.8583
	Pankreas		0.1491	0.3545 2.8205
		0.0749	0.0800	0.9360 1.0684
	Prostata		0.0426	1.4843 0.6737
25	Uterus_Endometrium Uterus Myometrium		0.0000 0.2309	undef 0.0000 0.4621 2.1640
23	Uterus allgemein		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie		0.0000	under 0.0000
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
-	Weisse Blutkoerperchen			
	-	0.0106		
35		FOETUS		,
-		%Haeufigkeit		•
	Entwicklung	-		
	Gastrointenstinal			
	Gehirn	0.0626		
40	Haematopoetisch	0.0590		
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0650		
45	Nebenniere			
		0.0432	•	
	Placenta			
	Prostata			
50	Sinnesorgane	0.0126		
50				
		NORMIERTE/SU	BTRAHTERTE F	STRI.TOTHEKEN
		%Haeufigkeit		JIDDIOINDINDIN
	Brust	0.0000		
55	Eierstock n			•
	Eierstock t			•
	Endokrines Gewebe		•	
		0.0052		
	Gastrointestinal	0.0244		
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel	0.0097		
		0.0000		
	=	0.0573		
		0.0181		•
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0333		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	•	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef undef
		0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm			undef 0.0000
			0.0000	
	Eierstock		0.0598	0.0501 19.9782
10	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0. 0 000	undef undef
	Gehirn	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	_	0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000
15	-			
13		0.0011	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
20		0.0299	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas			
			0.0000	undef undef
		0.0000	0. 00 00	undef undef
	Prostata		0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus allgemein		0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie		0.000	ander ander
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse Blutkoerperchen	0.0000		
		0.0106		
35		POPMUA		
33		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
	Lunge	0.0000		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta		•	
	Prostata			
50	Sinnesorgane	0.0000		
50				
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
55	Eierstock n			
<i>J J</i>				
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
	Foetal	0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
60	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.0000		
		0.0000		
65	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus n	0.0000		
	- -			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_		%Haeufigkeit		
5		0.0000	0.0026	0.0000 undef
		0.0000	0.0038	0.0000 undef
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0234	0.1279 7.8175
• •	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal		0.0185	1.0354 0.9658
	Gehirn		0.0062	0.2400 4.1669
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
13		0.0000	0.0000	undef undef undef undef
		0.0052	0.0000 0.0061	0.8467 1.1810
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0060	0.0000 undef
20		0.0000	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas		0.0110	0.0000 undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0000	undef undef
	Uterus Endometrium		0.0000	undef undef
25	Uterus Myometrium		0.0000	undef undef
-5	Uterus allgemein		0.0000	under under
	Brust-Hyperplasie			midel midel
	Prostata-Hyperplasie		- P	
	Samenblase			
30	Sinnesorgane	· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·		
50	Weisse Blutkoerperchen			•
		0.0000		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
40	•	0.0000		
40	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
4.6	_	0.0000		
45	Nebenniere			
		0.0000		
	Placenta			
	Prostata			
50	Sinnesorgane	0.0000		
50				
		NORMTERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEREN
		%Haeufigkeit		DEIVINDIGH
	Brust	0.0000		
55	Eierstock n			
33	Eierstock t			
	Endokrines Gewebe			
		0.0000		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.0000		
		0.0000		
65	Prostata		•	
	Sinnesorgane			
	Uterus n			•
	000245			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_	/	-	%Haeufigkeit	
5		0.0039	0.0000	undef 0.0000
		0.0026	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm		0.0000	undef undef 0.0000 undef
	Eierstock Endokrines Gewebe		0.0130 0.0025	0.0000 under
10	Gastrointestinal		0.0023	0.0000 under
10	Gehirn		0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0073	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15	Herz	0.0000	0.0137	0.0000 undef
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.01610.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000
20		0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
		0.0030	0.0267	0.1123 8.9035
	Prostata		0.0021	0.0000 undef
	Uterus_Endometrium		0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium		0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
20	Samenblase Sinnesorgane			
30	Weisse Blutkoerperchen			
	Zervix		•	
	Delvix	0.000		
35		FOETUS	•	
		%Haeufigkeit		•
	- Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
		0.0000	•	
40	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
45	Nebenniere	0.0000		
40		0.0254		
	Placenta			
	Prostata		,	
	Sinnesorgane			
50				
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0000		
55	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
		0.0023		
40	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel	0.0032		
		0.0000		
	•	0.0000		
65	Prostata			
00	Sinnesorgane			
	Uterus n			
		-		

		NORMAL	TUMOR	Verhae	ltnisse	
			%Haeufigkeit		T/N	
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef	
	Brust	0.0000	0.0000	undef		
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef		
	Eierstock	0.0000	0.0234	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef		
10	Gastrointestinal		0.0000	undef		
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef		
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef		
	Haut	0.0000	0.0000	undef		
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef		
15	Herz	0.0000	0.0000	undef		
	Hoden	0.0000	0.0000	undef		
	Lunge	0.0000	0.0000	undef		
	Magen-Speiseroehre	0.3189	0.0153	20.798	8	0.0481
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
20	Niere	0.0000	0.0000	undef		
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef		
	Penis	0.0000	0.0000	undef		
	Prostata	0.0000	0.0000	undef		
	Uterus Endometrium	0.0000	0.0000	undef		
25	Uterus Myometrium		0.0000	undef		
	Uterus allgemein	0.0000	0.0000	undef		
	Brust-Hyperplasie			,		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		•		
	Samenblase					
30	Sinnesorgane	0.0000				
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
	Zervix					
35		FOETUS				
		%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000				
	Gastrointenstinal	0.0000				
	Gehirn	0.0000				
40	Haematopoetisch	0.0000				
	Haut	0.0000				
	Hepatisch	0.0000				
	Herz-Blutgefaesse	0.0000				
	Lunge	0.0000				
45	Nebenniere	0.0000				
	Niere	0.0000				
	Placenta	0.0000				
	Prostata	0.0000				
	Sinnesorgane	0.0000				
50						
			BTRAHIERTE BI	RLIOTHE	KEN	
	.	%Haeufigkeit				
55		0.0000				
33	Eierstock_n					
	Eierstock_t					
	Endokrines_Gewebe					
		0.0000				
60	Gastrointestinal					
00	Haematopoetisch					
	Haut-Muskel		•			
		0.0000	-			
	-	0.0000		ž.		
65		0.0000				
0.5	Prostata					
	Sinnesorgane					
	Uterus_n	0.0003				

```
NORMAL
                                             TUMOR
                                                          Verhaeltnisse
                               %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                               T/N
                                                          undef 0.0000
                         Blase 0.0039
                                             0.0000
5
                                                          undef 0.0000
                         Brust 0.0026
                                             0.0000
                                             0.0000
                                                          undef undef
                     Duenndarm 0.0000
                                                          0.0000 undef
                     Eierstock 0.0000
                                             0.0286
                                             0.0075
                                                          0.6792 1.4722
             Endokrines_Gewebe 0.0051
                                                          undef 0.0000
10
              Gastrointestinal 0.0019
                                             0.0000
                        Gehirn 0.0030
                                             0.0072
                                                           0.4114 2.4307
                                                          undef 0.0000
                                             0.0000
               Haematopoetisch 0.0027
                                                           undef undef
                                             0.0000
                          Haut 0.0000
                                             0.0000
                     Hepatisch 0.0000
                                                           undef undef
                                                          undef 0.0000
                          Herz 0.0053
                                             0.0000
15
                                                           0.4920 2.0326
                         Hoden 0.0058
                                             0.0117
                                                           0.5080 1.9684
                         Lunge 0.0021
                                             0.0041
            Magen-Speiseroehre 0.0097
                                             0.0077
                                                           1.2605 0.7933
                                                           undef 0.0000
                                             0.0000
                Muskel-Skelett 0.0051
                                                           0.3965 2.5219
                         Niere 0.0054
                                             0.0137
20
                      Pankreas 0.0033
                                                           undef 0.0000
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
                         Penis 0.0090
                                             0.0000
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
                      Prostata 0.0022
                                             0.0000
                                                           undef undef
            Uterus_Endometrium 0.0000
             Uterus_Myometrium 0.0000
25
                                             0.0068
                                                           0.0000 undef
                                                           undef 0.0000
              Uterus_allgemein 0.0051
                                             0.0000
             Brust-Hyperplasie 0.0000
          Prostata-Hyperplasie 0.0059
                    Samenblase 0.0089
                  Sinnesorgane 0.0000
30
        Weisse_Blutkoerperchen 0.0043
                         Zervix 0.0000
                                FOETUS
35
                                %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0000
              Gastrointenstinal 0.0000
                         Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
40
                           Haut 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0000
                          Lunge 0.0036
                     Nebenniere 0.0000
45
                          Niere 0.0062
                       Placenta 0.0000
                       Prostata 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
 50
                                 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                 %Haeufigkeit
                          Brust 0.0000
                    Eierstock n 0.0000
 55
                    Eierstock_t 0.0000
              Endokrines_Gewebe 0.0000
                         Foetal 0.0070
               Gastrointestinal 0.0122
 60
                Haematopoetisch 0.0114
                    Haut-Muskel 0.0097
                          Hoden 0.0000
                          Lunge 0.0082
                         Nerven 0.0020
 65
                        Prostata 0.0137
                   Sinnesorgane 0.0000
                        Uterus_n 0.0291
```

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	N/T T/N
5		0.0039	0.0077	0.5085 1.9666
		0.0051	0.0056	0.9074 1.1021
	Duenndarm		0.0000	undef undef
	Eierstock		0.0208	0.1439 6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755 0.2454 1.2425 0.8048
10	Gastrointestinal		0.0093	0.7200 1.3890
	Gehirn		0.0062	undef 0.0000
	Haematopoetisch		0.0000 0.0000	undef 0.0000
		0.0037		undef undef
	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000
15		0.0021	0.0000	undef 0.0000
		0.0058	0.0000 0.0061	1.0161 0.9842
		0.0062	0.0001	undef undef
	Magen-Speiseroehre		0.0120	0.1428 7.0040
	Muskel-Skelett		0.0120	0.3965 2.5219
20		0.0027	0.0000	undef undef
	Pankreas		0.0000	0.1123 8.9035
	Penis Prostata	0.0030	0.0207	3.0709 0.3256
			0.0021	undef undef
26	Uterus_Endometrium Uterus Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_myometrium Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef 0.0000
			0.0000	ander offer
	Brust-Hyperplasie			•
	Prostata-Hyperplasie Samenblase			
20	Sinnesorgane			
30	Weisse Blutkoerperchen			
	weisse_Bluckoerperchen	0.0000		
	Zerviv	0.0000		
35		FOETUS		
		%Haeufigkei	t.	
	Entwicklung	0.0139		
	Gastrointenstinal	0.0111		
		0.0063		
40	Haematopoetisch			
	Haut			
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse	0.0071		
		0.0000		
45	Nebenniere			
		0.0247		•
		a 0.0061		
		a 0.0000		
	Sinnesorgan	e 0.0126		
50				
		MODMIEDTE / S	UBTRAHIERTE E	TRITOTHEKEN
		%Haeufigkei		
	D	t 0.0000		
5.5	Eierstock_	n 0.0000		
55	Eierstock_	+ 0.0000		
	Endokrines_Geweb	e 0.0000		
	Endokrines_deweb	1 0.0012		
	Gastrointestina	1 0 0000		
60	Haematopoetisc	b 0.0000	•	
UU	Haut-Muske	1 0.0065		
		n 0.0000		
		re 0.0164		
	Nerve	n 0.0070		
65	Prostat	a 0.0068		
05	Sinnesorgar	ne 0.0000	-	
	· Uterus	n 0.0167		
	000143_			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
	Blase	0.0000	0.0000	under under
5	Brust	0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000 undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef undef 0.0000
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef undef undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000 0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz	0.0000 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
20		0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas		0.0000	undef undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.000	undef undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
23	Uterus allgemeir	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	≥ 0.0000		
	Samenblase	€ 0.0000		
30	Sinnesorgan	e 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperche	n 0.0000		
	Zervi	x 0.0 0 00		
26		FOETUS		
35		%Haeufigkei	it	
	Entwicklun	g 0.0000		
	Gastrointenstina	1 0.0000		
	Gehir	n 0.0000		
40	Haematopoetiso	h 0.0000		
	Hav	it 0.0000.		
	Hepatiso	h 0.0000		
	Herz-Blutgefaess			
	Lung	ge 0.0000		
45	Nebennie	re 0.0000		•
	_	re 0.0000 ta 0.0000		•
	Placen Prosta			
	Sinnesorga	- 0000		
50	STIMESOLYA			
J U				D-DI TORUNUNI
		NORMIERTE	SUBTRAHIERTE	BIBLIOTHEREN
	•	%Haeufigk	eit	
	Bru	st 0.0000		
55	Eierstock	_n 0.0000		
	Eierstoc)	_t 0.0000		
	Endokrines_Gewe			
	Foet			
	Gastrointestin	nai 0.0122		
60	Haematopoeti	kel 0.0000		
	Haut-Mus	den 0.0000		
	HOO	nge 0.0000		
	Nor	ven 0.0000	•	
CE	Prost	ata 0.0000		
65	Sinnesora	ane 0.0000		
	Uteru	s_n 0.0000		
	3.002			

5	Brust Duenndarm Eierstock Endokrines Gewebe Gastrointestinal Gehirn Haematopoetisch	0.0000 0.0000 0.0031 0.0000 0.0000 0.0000 0.0037 0.0000	TUMOR %Haeufigkeit 0.0026 0.0019 0.0000 0.0130 0.0000 0.0000 0.0010 0.0000	Verhaeltnisse N/T T/N 0.0000 undef 0.0000 undef undef 0.0000 0.0000 undef undef undef undef undef undef undef undef undef undef undef
15	Haut Hepatisch Herz Hoden Lunge	0.0000 0.0000 0.0021 0.0058 0.0052	0.0000 0.0000 0.0000 0.0000 0.0000	undef undef undef 0.0000 undef 0.0000 undef 0.0000 undef undef
20	Pankreas	0.0034 0.0000 0.0000 0.0060	0.0000 0.0068 0.0000 0.0000	undef 0.0000 0.0000 undef undef undef undef 0.0000 undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium Uterus_allgemeir Brust-Hyperplasie Prostata-Hyperplasie	0.0000 0.0000 0.0000 0.0064	0.0000 0.0000 0.0000	undef undef undef undef undef undef
30	Samenblase Sinnesorgane Weisse Blutkoerperche	e 0.0000 e 0.0000		
35		FOETUS		
	Entwicklun	%Haeufigkei g 0.0000	l C	
	Gastrointenstina	1 0.0000		
40	Genii Haematopoetisc	n 0.0125 h 0.0079		
40	Hav	t 0.0000		
	Hepatiso Herz-Blutgefaess	ch 0.0000 se 0.0000		
	Lunc	ge 0.0000		
45	Nebennie	ce 0.0000	•	
	Nie: Placen	re 0.0000 ta 0.0000		
	Prosta	ta 0.0499		
	Sinnesorga	ne 0.0000		
50				TAL TORUSTON
		NORMIERTE %Haeufigke	SUBTRAHIERTE	RIBLIOLUEVEN
	Bru	st 0.0000		
55	Eierstock	n 0.0000		
	Eierstock	t 0.0000		
	Endokrines_Gewe	al 0.0023		
	Gastrointestin	al 0.0000		
60	Haematopoeti:	sch 0.0114		
	Haut-Mus	kel 0.0000 den 0.0000		
	Lui	nge 0.0164		
	Ner	ven 0.0010	•	
65	Prost	ata 0.0000 ane 0.0000		
	Sinnesorg	s_n 0.0042		

```
Verhaeltnisse
                                            TUMOR
                               NORMAL
                               .%Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                T/N
                                                          undef undef
                                            0.0000
                         Blase 0.0000
5
                                                          undef undef
                                            0.0000
                         Brust 0,0000
                                                          undef undef
                                            0.0000
                     Duenndarm 0.0000
                                                          0.0000 undef
                    Eierstock 0.0000
                                            0.0130
                                                          undef undef
                                            0.0000
             Endokrines_Gewebe 0.0000
                                                          undef undef
              Gastrointestinal 0.0000
                                            0.0000
10
                                                          undef undef
                        Gehirn 0.0000
                                            0.0000
                                                          undef undef
              Haematopoetisch 0.0000
                                            0.0000
                                                          undef undef
                          Haut 0.0000
                                            0.0000
                                                          undef undef
                                             0.0000
                     Hepatisch 0.0000
                                                                 undef
                                             0.0000
                                                          undef
                          Herz 0.0000
15
                                                          undef undef
                                             0.0000
                         Hoden 0.0000
                                                          undef undef
                                             0.0000
                         Lunge 0.0000
                                                          undef undef
            Magen-Speiseroehre 0.0000
                                             0.0000
                                                          undef
                                                                 undef
                                             0.0000
                Muskel-Skelett 0.0000
                                                          undef undef
                         Niere 0.0000
                                             0.0000
20
                                                          undef undef
                                             0.0000
                      Pankreas 0.0000
                                             0.0000
                                                          undef
                                                                 undef
                         Penis 0.0000
                                                          undef undef
                      Prostata 0.0000
                                             0.0000
                                                          undef undef
                                             0.0000
            Uterus_Endometrium 0.0000
                                             0.0000
                                                           undef undef
             Uterus_Myometrium 0.0000
25
                                             0.0000
                                                           undef undef
              Uterus_allgemein 0.0000
             Brust-Hyperplasie 0.0000
          Prostata-Hyperplasie 0.0000
                    Samenblase 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0235
30
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
                         Zervix 0.0000
                                FOETUS
35
                                %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0000
              Gastrointenstinal 0.0000
                         Gehirn 0.0000
                Haematopoetisch 0.0000
 40
                           Haut 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0000
                          Lunge 0.0000
                     Nebenniere 0.0000
 45
                          Niere 0.0000
                        Placenta 0.0000
                        Prostata 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
 50
                                 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                 %Haeufigkeit
                           Brust 0.0000
                     Eierstock_n 0.0000
  55
                     Eierstock_t 0.0000
               Endokrines_Gewebe 0.0000
                          Foetal 0.0000
                Gastrointestinal 0.0000
                 Haematopoetisch 0.0000
  60
                     Haut-Muskel 0.0000
                           Hoden 0.0000
                           Lunge 0.0000
                          Nerven 0.0000
                         Prostata 0.0000
  65
                    Sinnesorgane 0.0000
                        Uterus_n 0.0000
```

	•	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnis	se
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N	
5	Blase	0.0000	0.0000	under under	
,	Brust	0.0000	0.0000	undef undef	
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef	:
	Eierstock	0.0000	0.0260	0.0000 under	:
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef under	
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef under	
10	Gehirn	0.0000	0.0000	undef under	
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef unde	
	Haut	0.0000	0.0000	undef unde	
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef unde	
1.5	Herz	0.0000	0.0000	undef unde	
15	Hoden	0.0000	0.0000	undef unde	f
	Lunge	0.0000	0.0000	undef unde	f
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef unde	f
	Magen-Speiseloenie Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef unde	f
	Musker-skerect	0.0000	0.0000	undef unde	f
20	Niere	0.0000	0.0000	undef unde	£
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef unde	£
	Penis	0.0000	0.0000	undef unde	
	Prostata	0.0000	0.0000	undef unde	
	Uterus_Endometrium	0.0000		undef unde	
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef unde	
	Uterus allgemeir	0.0000	0.0000	under unde	
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	≥ ,0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
50	Weisse_Blutkoerpercher	n 0.0000			
	Zervi	k 0.0000			
					•
15		FOETUS			
35		%Haeufigkei	.t		
	Entwicklun				
	Gastrointenstina	1 0.0000			
	Gastionitenstina	n 0.0000			
	Haematopoetisc	h 0.0000			
40	Hauma topoetise Hau		•		
		h 0.0000			
	nepatist	0.0000			
	Herz-Blutgefaess	e 0.0000			
	Lung	e 0.0000			
45	Nebennier	e 0.0000			
•	Niei	e 0.0000			
	Placent	a 0.0000			
	Prostat	a 0.0000			
	Sinnesorgan	ne 0.0000			
50					
			SUBTRAHIERTE	BIBLIOTHEKEN	ı
				DIDDIGINA	
		%Haeufigke	:10		
	Bru	st 0.0000			
55	Eierstock	_n 0.0000	•		
	Eierstock	_t 0.0000		•	
	Endokrines_Gewe	be 0.0000			
	Foet	al 0.0000			
	Gastrointestin	al 0.0000 '			
60	Haematopoetis	ch 0.0000			
0 0	Haut-Musk	el 0.0000			
	Hoo	len 0.0000			
	· Lar	ige 0.0000			
	Nort	ren 0.0000			
	Proets	ata 0.0000			
65	Cinnacara	ane 0.0000			
	ormesory.	s_n 0.0000			
	oterus	_,, 0.0000			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	N/T T/N
5		0.0000	0.0102	0.0000 undef 1.5879 0.6298
		0.0090	0.0056	undef 0.0000
	Duenndarm		0.0000 0.0390	0.1535 6.5146
	Eierstock	0.0060	0.0025	1.3585 0.7361
10	Endokrines_Gewebe Gastrointestinal	0.0034	0.0231	0.0828 12.0723
10	Gastionnestinai	<u>.</u>	0.0031	0.0000 undef
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0037	0.0847	0.0433 23.0839
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge	0.0021	0.0102	0.2032 4.9209
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000 undef 0.0000
20		0.0054	0.0000	0.0000 undef
	Pankreas		0.0110 0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0065	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium	0.0133	0.0068	3.3668 0.2970
25	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096	• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase			
30	Sinnesorgane	0.0118		
-	Weisse_Blutkoerpercher	1 0.0000		
	Zervi	0.0000		
26		FOETUS		
35		%Haeufigkei	t	
	Entwicklung			
	Gastrointenstina			
	Gehir			
40	Haematopoetisc	h 0.0079		
	Hau	t 0.0000		
	Hepatisc	h 0.0000		
	Herz-Blutgefaess	e 0.0000		
		e 0.0108		
45	Nebennier			
		e 0.0062 a 0.0000		
	Pracent	a 0.0000		
	Sinnesorgan	e 0.0000		
50	Simesorgan			
30				
		NORMIERTE/S	SUBTRAHIERTE I	BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigke:	it	
	Brus	st 0.0000		
55	Eierstock_	n 0.0000		
	Eierstock	t 0.0101		
	Endokrines_Gewel	oe 0.0000		
		1 0.0012		
C 0	Gastrointestina Haematopoetisa	ar 0.0000		
60	Haematopoetis Haut-Musk	el 0.0000		
		en 0.0000		
		ge 0.0491		
	Nerv	en 0.0010		
65	Prosta	ta 0.0068		
	Sinnesorga	ne 0.0000		•
	Uterus	_n 0.0125		•

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441 0.8741
,	Brust	0.0090	0.0263	0.3403 2.9389
	Duenndarm	0.0184	0.0000	undef 0.0000 0.0000 undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	3.3962 0.2944
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0050	3.7275 0.2683
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0046	0.3771 2.6517
	Gehirn	0.0081	0.0216 0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000
		0.0110	0.0065	0.7353 1.3600
	Hepatisch	0.0117	0.0000	undef 0.0000
15	nerz	0.0000	0.0000	undef undef
	Tunge	0.0083	0.0020	4.0643 0.2460
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989 0.5003
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896 0.8406
20	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496 6.6857
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0131	0.0021	6.1418 0.1628
	Uterus Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus Myometrium	0.0229	0.0000	undef 0.0000
23	Uterus allgemeir	0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064		
	Prostata-Hyperplasie	≥ 0.0030		
	Samenblase	e 0.0000°		
30	Sinnesorgan	e 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperche	n 0.0043		
	Zervi	x 0.0106		
	,			
35		FOETUS		
<i>J J</i>		%Haeufigkei	it	
	Entwicklun	g 0.0139		
	Gastrointenstina	1 0.0028		
	Gehir	n 0.0063		
40	Haematopoetisc	h 0.0000	•	
		t 0.0000		
	Hepatiso	h 0.0000		
	Herz-Blutgefaess	e 0.0030	•	
	Nebennie	ge 0.0000		
45	Nice	re 0.0124		
	Placent	ta 0.0121		
	Prosta	ta 0.0000		
	Sinnesorga	ne 0.0000		
50	•••••			
				DIDITOTHEKEN
		NORMIERTE/	SUBTRAHIERTE	PIBLICITIENDI
		%Haeufigke	316	
	Bru	st 0.0000 _n 0.0000		
55	Eleratock	_t 0.0000		
	Endokrines_Gewe	be 0.0000		
	Foot	al 0.0012		
	Gastrointestin	a1 0.0000		
60	Haematopoetis	ch 0.0171		
UU	Haut-Mus)	el 0.0000		
	Hoo	len 0.0000		
	Lur	nge 0.0000		
	Ner	ren 0.0000	•	
65	Prosta	ata 0.0137		
	Sinnesorg	ane 0.0000		
	Uteru	s_n 0.0000		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	N/T T/N
5		0.0117	0.0051	2.2882 0.4370 4.7637 0.2099
		0.0090	0.0019	undef undef
	Duenndarm Eierstock	0.0000	0.0000 0.0208	0.1439 6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0030	0.0025	1.3585 0.7361
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef 0.0000
10		0.0007	0.0021	0.3600 2.7779
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef 0.0000
		0.0058	0.0000	undef 0.0000 1.2701 0.7873
	Lunge	0.0052	0.0041	0.0000 undef
,	Magen-Speiseroehre		0.0077 0.0180	0.0952 10.5060
	Muskel-Skelett		. 0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas		0.0055	1.4957 0.6686
		0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0064	0.0000 undef
	Uterus_Endometrium		0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase			
30	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerpercher	0.0017		•
	Zervi	0.0100		
35		FOETUS		
		%Haeufigkei	t	
	Entwicklung			
	Gastrointenstina			
40	Haematopoetisc	n 0.0000		
40	наема сороество	t 0.0000		
	Hepatisc			
	Herz-Blutgefaess	e 0.0107		
	Lung	e 0.0000		
45	Nebennier	e 0.0000		
		e 0.0000	•	
		a 0.0000		
	Prostat	a 0.0000		
	Sinnesorgan	e 0.0000		
50				
		NORMIERTE/S	SUBTRAHIERTE E	BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigke:		
	Brus	t 0.0000		
55	Eierstock	n 0.0000		
	Eierstock			
	Endokrines_Gewel			
		1 0.0000		
	Gastrointestin	al 0.0000		
60	Haematopoetis	0.0000		
	Haut-Musk	en 0.0000		
		ge 0.0000		
	Norv	en 0.0020		
65	Prosta	ta 0.0000		
0.5	Sinnesorga	ne 0.0077		
	Uterus	_n 0.0000		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5		0.0156	0.0026	6.1018 0.1639
		0.0179	0.0169	1.0586 0.9446
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0286	0.2093 4.7774 1.2906 0.7749
	Endokrines_Gewebe		0.0251	1.0354 0.9658
10	Gastrointestinal		0.0278	1.3949 0.7169
		0.0229	0.0164 0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0065	0.0000 undef
16		0.0350	0.0000	undef 0.0000
15		0.0058	0.0117	0.4920 2.0326
		0.0239	0.0225	1.0623 0.9414
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989 0.5003
20		0.0190	0.0137	1.3878 0.7206
20	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
		0.0210	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0085	3.0709 0.3256
	Uterus_Endometrium		0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668 0.2970
23	Uterus allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160		
	Prostata-Hyperplasie	0.0089		
	Samenblase			
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0208		
	Zervix			
25		FOETUS		
35		%Haeufigkei	t	
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
		0.0188		
40	Haematopoetisc)			
		0.0000		
	Hepatisc	n 0.0000		
	Herz-Blutgefaess			
		e 0.0108		
45	Nebennier	e 0.0254		
		e 0.0124		
		a 0.0182		
		a 0.0249		•
	Sinnesorgan	e 0.0000		
50				
		NODMIERTE/	SUBTRAHIERTE E	BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkei		
	Brus	t 0.0068		
55	Eierstock_	n 0.1595		
<i>J</i> J	Eierstock_	t 0.0000		
	Endokrines Geweb	e 0.0000		
	Foeta	1 0.0082		
	Gastrointestina			
60	Haematopoetis	h 0.0057	<i>,</i> .	
	Haut-Muske	1 0.0162		
		en 0.0077		
		ge 0.0164		
	Nerve	en 0.0221		
65	Prosta	ta 0.0068		
	Sinnesorga	ne 0.0155		
	Uterus	_n 0.0083		

	`	NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss
_		%Haeufigkeit	-	
5		0.0039	0.0051	0.7627 1.3111
	•	0.0038	0.0056	0.6805 1.4694
	Duenndarm		0.0165	0.1854 5.3946
	Eierstock		0.0130 0.0025	0.0000 undef 2.0377 0.4907
10	Endokrines_Gewebe Gastrointestinal		0.0025	0.4142 2.4145
10	Gehirn		0.0062	0.6000 1.6668
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0042	0.0275	0.1542 6.4853
	Hoden	0.0115	0.0000	undef 0.0000
		0.0021	0.0041	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930 1.2610
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966 0.8357
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824 1.4654
	Uterus_Endometrium		0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0000		•
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0000		
		0.0000		
40	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0036		
45	Nebenniere			
		0.0000		
	Placenta			
	Prostata			
50	Sinnesorgane	0.0000		
30				
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE B	IBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0000		
55	Eierstock n			
	Eierstock t			•
	Endokrines Gewebe			
		0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			•
		0.0000		
	Lunge	0.0000		
	Nerven	0.0020		
. 65	Prostata	,	•	
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0042		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	_ •		%Haeufigkeit	
5	•	0.0078	0.0179	0.4358 2.2944
		0.0064	0.0094	0.6805 1.4694
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0130	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe		0.0075	0.6792 1.4722
10	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
	Gehirn		0.0051	1.0079 0.9921
	Haematopoetisch	0.0080	0.0379	0.2117 4.7230
	Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000
15	Herz	0.0064	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759 0.6775
	Lunge	0.0073	0.0102	0.7112 1.4060
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303 1.5866
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20	Niere	0.0027	0.0137	0.1983 5.0439
	Pankreas		0.0055	0.0000 undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0064	2.0473 0.4885
	Uterus_Endometrium			
25			0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium		0.0272	0.0000 undef
	Uterus_allgemein		0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043		>
	Zervix	0.0213		
25		505500		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
		0.0188		
40	Haematopoetisch	0.0079		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		•
	Herz-Blutgefaesse	0.0071		
	Lunge	0.0036		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0124		
	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane			
50	Simesorgane	0.0000		
50				
		MODMEDDED / GE	DMD1117DDM0 DT	DI TOMUNION.
	4		BTRAHIERTE BI	BUTOTHEKEN
	_ :/	%Haeufigkeit		
		0.0000		
55	Eierstock_n			
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0087		
	Gastrointestinal	0.0000		
60	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel			
		0.0000		•
		0.0000		
		0.0100		
65	Prostata			
U J			•	
	Sinnesorgane			•
	Uterus_n	0.010/	•	
			•	

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5	P1.00	%Haeufigkeit 0.0000	%Haeufigkeit	N/T T/N 0.0000 undef
3		0.0026	0.0077 0.0150	0.1701 5.8778
	Duenndarm		0.0165	0.3707 2.6973
	Eierstock		0.0208	0.1439 6.9489
	Endokrines Gewebe		0.0075	1.5849 0.6309
10	Gastrointestinal		0.0000	undef undef
	Gehirn		0.0072	0.5143 1.9446
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge	0.0062	0.0061	1.0161 0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett		0.0060	3.1411 0.3184
20		0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas		0.0055	0.0000 undef
		0.0090	0.0267	0.3369 2.9678
	Prostata		0.0106	1.4331 0.6978
	Uterus_Endometrium		0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium		0.0068	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
20	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen		•	
	Zervix	0.0106		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
		0.0000		
40	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
45		0.0072		•
43	Nebenniere			
	Placenta	0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
50	Simesorgane	0.0000		
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0136		
55	Eierstock_n			
	Eierstock_t		•	
	Endokrines_Gewebe			
		0.0052		
60	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0077		
	_	0.0164		•
65		0.0040		
U.J	Prostata Sinnesorgane			
	Sinnesorgane Uterus n			
	ocerus_n	0.0000		•

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
•	P)	_	%Haeufigkeit	
5		0.0039	0.0102	0.3814 2.6222
		0.0179	0.0038	4.7637 0.2099
	Duenndarm		0.0496	0.1854 5.3946 0.2303 4.3431
	Eierstock Endokrines Gewebe		0.0260	0.6113 1.6358
10			0.0251	
10	Gastrointestinal		0.0463	0.4556 2.1950
	Gehirn		0.0103	1.5119 0.6614
	Haematopoetisch		0.0758	0.0529 18.891
		0.0073	0.0000	undef 0.0000
16	Hepatisch		0.0388	0.0000 undef
15		0.0106	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	,	0.0177	0.0143	1.2338 0.8105
	Magen-Speiseroehre		0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0109	0.0274	0.3965 2.5219
	Pankreas		0.0221	1.0470 0.9551
	,	0.0090	0.0267	0.3369 2.9678
	Prostata		0.0106	0.6142 1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741 2.6732
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0256		
	Prostata-Hyperplasie	0.0089		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095		
		0.0106		
26				
35		FOETUS %Haeufigkeit		
	Patui aklusa	_		
	Entwicklung Gastrointenstinal			
		0.0125		•
40	Haematopoetisch			
70		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
45		0.0036		
43	Nebenniere			
		0.0062		
	Placenta			
•	Prostata			
50	Sinnesorgane	0.0000		
50				
		MODUTEDED (OU		DI TOMUNIONI
			BTRAHIERTE BI	BLIOTHEREN
		%Haeufigkeit		
		0.0068		
55	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
		0.0023		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.0164		
	Nerven	0.0060		
65	Prostata		i	
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0000		

				•
		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0234	0.0153	1.5254 0.6555
	Brust	0.0115	0.0113	1.0208 0.9796
	Duenndarm	0.0092	0.0165	0.5561 1.7982
	Eierstock	0.0090	0.0286	0.3140 3.1849
	Endokrines Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151 1.2268
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0278	0.8283 1.2072
	Gehirn		0.0144	1.0285 0.9723
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef 0.0000
	-	0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0065	0.0000 undef
15	-	0.0106	0.0275	0.3855 2.5941
		0.0058	0.0000	undef 0.0000
		0.0125	0.0123	1.0161 0.9842
	Magen-Speiseroehre		0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett		0.0120	1.1422 0.8755
20				
20		0.0136	0.0274	0.4956 2.0176
	Pankreas		0.0110	0.8974 1.1143
		0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0192	0.5687 1.7585
	Uterus_Endometrium		0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium		0.0136	0.5611 1.7821
	Uterus_allgemein		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
	Prostata-Hyperplasie	0.0119		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse Blutkoerperchen	0.0087		
	<u></u>	0.0000		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0139		
	Gastrointenstinal	0.0083		
	Gehirn	0.0063		
40	Haematopoetisch	0.0039		
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0181		
45	Nebenniere			
•••		0.0371		
	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane			
50	STIMESOLGANE	0.0120		
50				
		NORMTERTE/SIT	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEREN
		%Haeufigkeit		DDIOINDIADIA
	Bruet	0.0000		
55	Eierstock n			
33	Eierstock t			
	Endokrines Gewebe			
	-	0.0000		
۲۸	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.0000	•	
		0.0020		•
65	Prostata		•	
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0000		
	-			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_			Haeufigkeit	
5		0.0039	0.0000	undef 0.0000
		0.0013	0.0038	0.3403 2.9389
	Duenndarm	•	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0130	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe Gastrointestinal		0.0025 0.0000	1.3585 0.7361 undef 0.0000
10	Gastronntestinar		0.0051	1.0079 0.9921
	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	under under
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15	_	0.0032	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0031	0.0020	1.5241 0.6561
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856 3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748 13.3713
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000 undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium		0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein		0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0000		•
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	-		
	Gastrointenstinal		4	
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0260	•	•
	Herz-Blutgefaesse	0.0036		
	Lunge	0.0000		
45	Nebenniere			
		0.0062		
	Placenta			
	Prostata			•
CO	Sinnesorgane	0.0000		
50				
		NODMIEDTE / CO	DEDAUTEDE DI	DI TOMUEVEN
		%Haeufigkeit	BTRAHIERTE BI	PLIOINEVEN
	Brust	0.0068		
55	Eierstock n			
55	Eierstock_t			
	Endokrines Gewebe			
	-	0.0082		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.0164		
	-	0.0060		
65	Prostata	0.0068		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n			
	_			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907 5.2444
	Brust	0.0141	0.0150	0.9357 1.0687
	Duenndarm		0.0496	0.1236 8.0920
	Eierstock		0.0364	0.3289 3.0402
	Endokrines Gewebe		0.0050	1.6981 0.5889
10	Gastrointestinal		0.0046	2.0708 0.4829
	Gehirn		0.0185	0.7600 1.3159
				undef 0.0000
	Haematopoetisch		0.0000	
		0.0294	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0065	1.4706 0.6800
15		0.0138	0.0412	0.3341 2.9932
	Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.015 6	0.0164	0.9526 1.0498
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0307	0.6303 1.5866
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef 0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499 20.057
		0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0234	0.7445 1.3433
	Uterus Endometrium			undef 0.0000
25			0.0000	
25	Uterus_Myometrium		0.0136	1.6834 0.5940
	Uterus_allgemein		0.0954	0.0534 18.735
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse Blutkoerperchen	0.0139		
	Zervix	0.0106		
		1		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0139		
	Gastrointenstinal	0.0222		
	-Gehirn	0.0000	•	
40	Haematopoetisch			
	•	0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
45	_	0.0072		
45	Nebenniere			
		0.0000		
	Placenta	0.0303		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0126		
50				
			BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit	•	
		0.0000		
55	Eierstock_n			
	Eierstock_t	0.0304		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0047		
	Gastrointestinal	0.0488		
60	· Haematopoetisch	0.0114		
	Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.0082		
		0.0090		
65				
0.5	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0250		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_	•		%Haeufigkeit	
5		0.0078	0.0153	0.5085 1.9666
		0.0077	0.0132	0.5833 1.7144
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0234	0.1279 7.8175
	Endokrines_Gewebe		0.0025	3.3962 0.2944
10	Gastrointestinal		0.0093	0.2071 4.8289
	Gehirn		0.0072	0.30863.2409
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0073	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000.	undef 0.0000
15		0.0201	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0468	0.0000 undef
		0.0031	0.0102	0.3048 3.2806
	Magen-Speiseroehre		0.0153	1.2605 0.7933
	Muskel-Skelett		0.0120	0.9994 1.0006
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000 undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0065	0.0085	0.7677 1.3026
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445 0.4455
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase		Ť	
30	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0182		
	Zervix	0.0213		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
		0.0063		
40	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
	_	0.0108		
45	Nebenniere			
		0.0124		•
	Placenta			•
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		•
50				
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit	•	
		0.0068		
55	Eierstock_n			•
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe		•	
		0.0012		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
	_	0.0246		
		0.0060		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0042		
	_			

```
TUMOR
                               NORMAL
                                                           Verhaeltnisse
                                %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                 T/N
5
                                                           1.5254 0.6555
                         Blase 0.0039
                                             0.0026
                                             0.0150
                         Brust 0.0128
                                                           0.8507 1.1756
                     Duenndarm 0.0061
                                             0.0165
                                                           0.3707 2.6973
                     Eierstock 0.0030
                                             0.0208
                                                           0.1439 6.9489
             Endokrines_Gewebe 0.0051
                                             0.0226
                                                           0.2264 4.4166
10
              Gastrointestinal 0.0077
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
                        Gehirn 0.0074
                                             0.0103
                                                           0.7200 1.3890
               Haematopoetisch 0.0174
                                                           undef 0.0000
                                             0.0000
                          Haut 0.0110
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
                     Hepatisch 0.0048
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
15
                         Herz 0.0085
                                                           0.3084 3.2426
                                             0.0275
                         Hoden 0.0115
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
                         Lunge 0.0062
                                                           0.60961.6403
                                             0.0102
            Magen-Speiseroehre 0.0000
                                                           0.0000 undef
                                             0.0307
                Muskel-Skelett 0.0120
                                             0.0060
                                                           1.9989 0.5003
20
                                                           3.1722 0.3152
                         Niere 0.0217
                                             0.0068
                      Pankreas 0.0017
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
                                                           undef 0.0000
                         Penis 0.0180
                                             0.0000
                      Prostata 0.0044
                                             0.0085
                                                           0.5118 1.9538
            Uterus Endometrium 0.0068
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
25
             Uterus Myometrium 0.0076
                                             0.0272
                                                           0.2806 3.5642
              Uterus_allgemein 0.0051
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
             Brust-Hyperplasie 0.0064
          Prostata-Hyperplasie 0.0089
                    Samenblase 0.0000
30
                  Sinnesorgane 0.0235
        Weisse_Blutkoerperchen 0.0139
                        Zervix 0.0106
35
                                FOETUS
                                %Haeufigkeit
                   Entwicklung 0.0278
             Gastrointenstinal 0.0056
                        Gehirn 0.0188
40
               Haematopoetisch 0.0079
                          Haut 0.0000
                     Hepatisch 0.0000
             Herz-Blutgefaesse 0.0142
                         Lunge 0.0145
45
                    Nebenniere 0.0000
                         Niere 0.0124
                       Placenta 0.0000
                       Prostata 0.0000
                  Sinnesorgane 0.0000
50
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
                          Brust 0.0068
55
                   Eierstock_n 0.0000
                   Eierstock_t 0.0051
             Endokrines_Gewebe 0.0000
                         Foetal 0.0076
              Gastrointestinal 0.0000
60
               Haematopoetisch 0.0000
                    Haut-Muskel 0.0000
                          Hoden 0.0077
                          Lunge 0.0082
                         Nerven 0.0120
65
                       Prostata 0.0274
                   Sinnesorgane 0.0000
```

Uterus n 0.0000

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss
_		-	%Haeufigkeit	
5		0.0585	0.0332	1.7601 0.5681
		0.0230	0.0132	1.7499 0.5715
	Duenndarm		0.0827	0.1854 5.3946
	Eierstock		0.0546	0.2741 3.6482
10	Endokrines_Gewebe		0.0150	0.9057 1.1042
10	Gastrointestinal		0.0416	0.4602 2.1730
	Gehirn		0.0277	0.5866 1.7046
	Haematopoetisch		0.0379	0.9881 1.0121
		0.0404	0.0847	0.4765 2.0985
1.5	Hepatisch		0.0388	0.3676 2.7200
15		0.0297	0.0412	0.7196 1.3897
		0.0863		0.7380 1.3551
	_	0.0364	0.0266	1.3678 0.7311
	Magen-Speiseroehre		0.0767	0.3782 2.6444
	Muskel-Skelett		0.0360	1.1422 0.8755
20		0.0190	0.0137	1.3878 0.7206
	Pankreas		0.0497	0.2659 3.7607
		0.0359	0.0800	0.4493 2.2259
	Prostata		0.0128	2.0473 0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0528	0.6402 1.5621
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128		
	Prostata-Hyperplasie	0.0178		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0235		
	Weisse Blutkoerperchen	.0.0251	•	
•		0.0106		
	,			
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstina1			
40		0.1189		
40	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
4.5		0.0253		
45	Nebenniere			
		0.0371		
	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0251		
50		•		
			BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit	:	
	Brust	0.0000		
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0000		
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0093		
	Gastrointestinal	0.0366		
60	Haematopoetisch	0.0057		
	Haut-Muskel	0.0389		
	Hoden	0.0154		
	Lunge	0.0491		
	_	0.0120		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus n			
		-		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	N/T T/N
, 5		0.0117	0.0102	1.1441 0.8741
		0.0038	0.0056	0.6805 1.4694
	Duenndarm		0.0165	0.1854 5.3946
	Eierstock		0.0390	0.1535 6.5146
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0251	0.4075 2.4537
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283 1.2072
	Gehirn	0.0140	0.0082	1.7099 0.5848
	Haematopoetisch	0.0053	0.1515	0.0353 28.337
•	Haut	0.0220	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
15	Herz	0.0148	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0104	0.0184	0.5645 1.7715
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856 3.5020
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930 1.2610
	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974 1.1143
		0.0180	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0043	0.5118 1.9538
	Uterus Endometrium		0.0000	undef 0.0000
25	. Uterus Myometrium		0.0068	0.0000 undef
	Uterus allgemein		0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie		0.0000	ander ander
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
J 0	Weisse Blutkoerperchen			•
		0.0213		
	Belvik	0.0213		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn	0.0375		
40	Haematopoetisch	0.0079		
		0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0213		
	Lunge	0.0108		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.00 0 0		
	Placenta	0.0182		
	Prostata	0.0249		
	Sinnesorgane	0.0000		
50	-			
			BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
	_	%Haeufigkeit		
		0.0000		
55	Eierstock_n			
	Eierstock_t	0.0203	•	
	Endokrines_Gewebe			
		0.0023		
	Gastrointestina1	0.0244		
60	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0162		
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0246		
		0.0241		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus n			

	,	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_		%Haeufigkeit		
5		0.0000	0.0230	0.0000 undef
		0.0000	0.0150	0.0000 undef
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0208	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal		0.0139	1.1045 0.9054
	Gehirn Haematopoetisch		0.0154 0.0000	0.1440 6.9448 undef 0.0000
	-	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0323	0.0000 undef
15	-	0.0064	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0020	0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
20		0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	6.3239	0.7179	8.8087 0.1135
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase	0.0089		•
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0106		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung		-	
	Gastrointenstinal		<i>'</i>	
	Gehirn			
40	Haematopoetisch	0.0079		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0036		
	Lunge	0.0000		
45	Nebenniere	0.0000		
		0.0000		
	Placenta			
	Prostata			
50	Sinnesorgane	0.0000		
50				
		NODMIEDTE/CII	BTRAHIERTE BI	ni torupypu
		%Haeufigkeit	DIRMITERIE DI	BLIOINEREN
	Brust	0.0000		
55	Eierstock n			
	Eierstock t		•	
	Endokrines Gewebe			
		0.0017		
	Gastrointestinal	•		
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0000		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0083		

			mrn.co	
		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
-		%Haeufigkeit	-	
5		0.0039	0.0077	0.5085 1.9666
		0.0064	0.0075	0.8507 1.1756
	Duennda rm	0.0245	0.0165	1.4830 0.6743
	Eierstock	0.0090	0.0520	0.1727 5.7908
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733 2.1127
	Gehirn	0.0044	0.0123	0.3600 2.7779
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0110	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0970	0.3922 2.5500
15	-			
13		0.0074	0.0137	0.5397 1.8529
		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0052	0.0082	0.6350 1.5747
	Magen-Speiseroehre		0.0230	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef 0.0000
20	Niere	0.0163	0.0616	0.2643 3.7829
	Pankreas	0.0396	0.0055	7.1795 0.1393
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0106	0.6142 1.6282
	Uterus Endometrium		0.0528	0.0000 undef
25				
23	Uterus_Myometrium		0.0068	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein		0.2863	0.0534 18.735
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0235		
	Weisse Blutkoerperchen	0.0043		
	Zervix	0.0319		
35 .	•	FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	_		
	Gastrointenstinal			
		0.0000		
40	Haematopoetisch		•	
40	•			
		0.0000		
	Hepatisch			•
	Herz-Blutgefaesse			
	Lunge	0.0036		
45	Nebenniere	0.0254		
	Niere	0.0062		
	Placenta	0.0242		
	Prostata			
	Sinnesorgane			
50	o i i i i con i gane	0.0000		
50				
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0136		
55	Eierstock n	0.0000		
	Eierstock t		•	
	Endokrines Gewebe			
	-	0.0122		
	Gastrointestinal			
60				
JU	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.0082		
		0.0010		
65	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus n	0.0250	•	

	•	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814 2.6222
	Brust	0.0026	0.0169	0.1512 6.6125
	Duenndarm	0.0092	0.0165	0.5561 1.7982
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303 4.3431
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528 2.2083
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0185	0.3106 3.2193
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048 3.2806
	Magen-Speiseroehre		0.0153	0.6303 1.5866
•	Muskel-Skelett		0.0060	0.2856 3.5020
20		0.0081	0.0068	1.1896 0.8406
	Pankreas		0.0055	0.8974 1.1143
		0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0085	0.2559 3.9077
	Uterus Endometrium		0.0000	undef undef
25	Uterus Myometrium		0.0000	undef undef
	Uterus allgemein		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie		0.0000	under 0.000
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
20	Weisse Blutkoerperchen			•
		0.0106		
	Zelvix	0.0100		
25		B0B###		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
40		0.0188		
40	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	Lunge	0.0036		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0121		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0126		
50				
		NODMIERTE / c.	DTDAUTEDME ST	DITOTUEVEN
			BTRAHIERTE BI	DUITOINEKEN
	Date	%Haeufigkeit		
55 ·		0.0272		
JJ .	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
		0.0169		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.0328		
		0.0080		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0125		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_	·	%Haeufigkeit		N/T T/N
5		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0156	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe		0.0025	0.0000 undef
10	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
	Gehirn		0.0021	0.3600 2.7779
	Haematopoetisch	0.0033	0.0000 0.0000	undef 0.0000 undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000 undef undef
15	· ·	0.0042	0.0000	undef 0.0000
.5		0.0288	0.0000	undef 0.0000
		0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett		0.0060	0.0000 undef
20		0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas		0.0055	0.8974 1.1143
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067 9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			•
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0000		
				•
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	-		
	Gastrointenstinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
4.5		0.0108		
45	Nebenniere			
		0.0062		
	Placenta			
	Prostata			
50	Sinnesorgane	0.0000		
50			•	
*		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
55	Eierstock_n	0.1595		
	Eierstock_t	0.0152		
	Endokrines_Gewebe			
		0.0029		
	Gastrointestina1			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000	•	
		0.0000		
45		0.0020		
65	Prostata			
	Sinnesorgane Uterus n			
	ocerus_n	0.0042		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	
5	Blase	0.0078	0.0000	undef 0.0000
	Brust	0.0077	0.0094	0.8166 1.2245
	Duenndarm	0.0123	0.0165	0.7415 1.3487
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303 4.3431
	Endokrines Gewebe	0.0324	0.0075	4.3019 0.2325
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496 0.6898
	Gehirn	0.0111	0.0051	2.1599 0.4630
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059 9.4460
	Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706 0.6800
15	Herz	0.0148	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0135	0.0102	1.3209 0.7571
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856 3.5020
20	Niere	0.0109	0.0068	1.5861 0.6305
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949 0.5571
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0109	0.0085	1.2795 0.7815
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096		
	Prostata-Hyperplasie	0.0149		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130		
	Zervix	0.0106		
35		500mm		
33		FOETUS		
	P-5-3-1-1-1	%Haeufigkeit		
	Entwicklung Gastrointenstinal			
40	Haematopoetisch	0.0063		
70	-	0.0000		
	Hepatisch			•
	Herz-Blutgefaesse			
	_	0.0072		
45	Nebenniere			
•••		0.0000		
	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane			
50	,	·		
			BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
	-	%Haeufigkeit		
		0.0000		
55	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
		0.0041		
	Gastrointestinal	-		
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
•		0.0154		
		0.0164		
65		0.0070		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0083		

```
NORMAL.
                                             TIMOR
                                                          Verhaeltnisse
                               %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
5
                                                        1.1768 0.8498
                         Blase 0.1053
                                             0.0895
                         Brust 0.0652
                                             0.0846
                                                          0.7713 1.2966
                     Duenndarm 0.1073
                                             0.0992
                                                          1.0813 0.9248
                     Eierstock 0.0629
                                             0.1353
                                                          0.4649 2.1509
             Endokrines Gewebe 0.0579
                                             0.0451
                                                          1.2830 0.7794
10
              Gastrointestinal 0.1379
                                             0.2220
                                                          0.6213 1.6096
                        Gehirn 0.0702
                                             0.0534
                                                          1.3153 0.7603
               Haematopoetisch 0.1056
                                             0.1136
                                                          0.9293 1.0761
                          Haut 0.0587
                                                          0.6931 1.4427
                                             0.0847
                     Hepatisch 0.0285
                                             0.1035
                                                          0.2757 3.6266
15
                          Herz 0.1293
                                                          3.1353 0.3189
                                             0.0412
                         Hoden 0.0403
                                             0.1754
                                                          0.2296 4.3556
                         Lunge 0.0914
                                             0.1063
                                                          0.8598 1.1631
            Magen-Speiseroehre 0.0387
                                             0.1840
                                                          0.2101 4.7599
                Muskel-Skelett 0.0548
                                             0.1260
                                                          0.4351 2.2982
20
                         Niere 0.0814
                                                          0.5665 1.7654
                                             0.1438
                      Pankreas 0.0363
                                             0.1878
                                                          0.1936 5.1662
                         Penis 0.1138
                                             0.0800
                                                           1.4227 0.7029
                      Prostata 0.0697
                                                          0.7279 1.3738
                                             0.0958
            Uterus_Endometrium 0.1824
                                             0.0000
                                                          undef 0.0000
25
             Uterus Myometrium 0.0838
                                             0.0951
                                                          0.8818 1.1341
              Uterus_allgemein 0.1171
                                             0.0000
                                                          undef 0.0000
             Brust-Hyperplasie 0.0671
          Prostata-Hyperplasie 0.0922
                    Samenblase 0.0712
30
                  Sinnesorgane 0.0706
        Weisse_Blutkoerperchen 0.1448
                        Zervix 0.1810
35
                                FOETUS
                                %Haeufigkeit
                   Entwicklung 0.0557
             Gastrointenstinal 0.1083
                        Gehirn 0.0500
40
               Haematopoetisch 0.0944
                          Haut 0.2513
                     Hepatisch 0.0260
             Herz-Blutgefaesse 0.0712
                         Lunge 0.1409
45
                    Nebenniere 0.0507
                         Niere 0.1297
                       Placenta 0.0545
                       Prostata 0.0499
                  Sinnesorgane 0.0251
50
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
                         Brust 0.0340
55
                    Eierstock n 0.0000
                    Eierstock_t 0.0253
              Endokrines_Gewebe 0.0000
                         Foetal 0.0163
              Gastrointestinal 0.0122
60
                Haematopoetisch 0.0000
                    Haut-Muskel 0.0292
                          Hoden 0.0077
                          Lunge 0.0246
                         Nerven 0.0090
65
                       Prostata 0.0274
                   Sinnesorgane 0.0000
                       Uterus_n 0.0042
```

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss
_		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0663	0.0895	0.7409 1.3497
		0.0371	0.0489	0.7591 1.3174
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0754	0.3573 2.7989
10	Endokrines_Gewebe			0.5225 1.9139
10	Gastrointestinal		0.0833	0.9664 1.0348
	Gehirn		0.0390	0.4547 2.1992
	Haematopoetisch		0.0758	1.1822 0.8459
		0.0551	0.1695	0.3249 3.0779
15	Hepatisch		0.0776	0.3064 3.2640
13		0.0604 0.0288	0.1237	0.4883 2.0480
			0.0702	0.4100 2.4391
	Magen-Speiseroehre	0.0519	0.0429	1.2096 0.8267
	Muskel-Skelett		0.0843	0.8022 1.2466
20		0.0223	0.0240	0.9280 1.0775
20			0.0548	0.6443 1.5520
	Pankreas		0.0773	0.1709 5.8500
		0.0838	0.0533	1.5724 0.6360
	Prostata		0.0255	2.2179 0.4509
25	Uterus_Endometrium Uterus_Myometrium		0.0000	undef 0.0000
23	Uterus allgemein		0.0679	1.1223 0.8911
			0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie Samenblase			
30	Sinnesorgane			
30	Weisse Blutkoerperchen			
	= -	0.0106		
	Zelvix	0.0106		
		•		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
40	Haematopoetisch			
	-	0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0145		
45	Nebenniere			
		0.0679		
	Placenta	0.0364		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
50	•	·		
			BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0272		
55	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			•
		0.0105		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.0328		
		0.0040		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0250		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_			%Haeufigkeit	
5		0.0234	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock	0.0000	0.0468	0.0000 undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal		0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
	-	0.0110	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0000		
13			0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	-	0.0353	0.0164	2.1591 0.4631
	Magen-Speiseroehre		0.1227	1.4969 0.6681
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0050	0.0221	0.2244 4.4571
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0128	0.1706 5.8615
	Uterus_Endometrium		0.0000	undef undef
25				
23	Uterus_Myometrium		0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein		0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase	0.1246		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000	•	
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal			
		0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse			i
		0.0036		
45	Nebenniere			
73		0.0000		
	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000	•	
50				
		NODMIEDTE /OU	BTRAHIERTE BI	DI TOTUEVEN
		%Haeufigkeit		BLIUIHEREN
	Renot	0.0000		
55				
J J	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
		0.0000		
	Gastrointestinal	0.0000		
60	Haematopoetisch	0.000		
	Haut-Muskel			•
	Hoden	0.0000		
		0.0000		
	•	0.0000		
65	Prostata			
05	Sinnesorgane			
	Uterus_n	. 0.0000		

```
TUMOR
                                NORMAL
                                                           Verhaeltnisse
                                %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                               T/N
5
                                                           0.0000 undef
                         Blase 0.0000
                                             0.0077
                                                           0.0851 11.7556
                         Brust 0.0026
                                             0.0301
                     Duenndarm 0.0000
                                             0.0331
                                                           0.0000 undef
                     Eierstock 0.0030
                                             0.0728
                                                           0.0411 24.3213
             Endokrines_Gewebe 0.0000
                                             0.0100
                                                           0.0000 undef
10
              Gastrointestinal 0.0000
                                             0.0046
                                                           0.0000 undef
                        Gehirn 0.0510
                                             0.0596
                                                           0.8565 1.1675
               Haematopoetisch 0.0040
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
                          Haut 0.0037
                                             0.1695
                                                           0.0217 46.1678
                     Hepatisch 0.0523
                                             0.1747
                                                           0.2996 3.3382
15
                          Herz 0.0138
                                             0.0137
                                                           1.0023 0.9977
                         Hoden 0.0000
                                             0.0935
                                                           0.0000 undef
                         Lunge 0.0073
                                             0.0818
                                                           0.0889 11.2478
            Magen-Speiseroehre 0.0000
                                             0.0230
                                                           0.0000 undef
                Muskel-Skelett 0.0240
                                             0.2760
                                                           0.0869 11.5066
                         Niere 0.3910
20
                                                           0.9516 1.0508
                                             0.4108
                      Pankreas 0.1123
                                             0.0387
                                                           2.9060 0.3441
                         Penis 0.0030
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
                      Prostata 0.0000
                                             0.0021
                                                           0.0000 undef
            Uterus Endometrium 0.0068
                                             0.2111
                                                           0.0320 31.2422
25
             Uterus_Myometrium 0.0000
                                             0.0000
                                                           undef undef
              Uterus_allgemein 0.0051
                                             0.1908
                                                           0.0267 37.4714
             Brust-Hyperplasie 0.0064
          Prostata-Hyperplasie 0.0059
                    Samenblase 0.0000
                  Sinnesorgane 0.0118
30
        Weisse_Blutkoerperchen 0.1838
                        Zervix 0.0000
35
                                FOETUS
                                %Haeufigkeit
                   Entwicklung 0.0696
             Gastrointenstinal 0.0194
                        Gehirn 0.0000
40
               Haematopoetisch 0.0079
                          Haut 0.0000
                     Hepatisch 0.0000
             Herz-Blutgefaesse 0.0107
                         Lunge 0.0036
45
                    Nebenniere 0.0254
                         Niere 0.0062
                       Placenta 0.2302
                      Prostata 0.0000
                   Sinnesorgane 0.1632
50
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
                          Brust 0.0000
55
                   Eierstock_n 0.0000
                   Eierstock_t 0.0000
             Endokrines_Gewebe 0.0000
                         Foetal 0.0128
               Gastrointestinal 0.0000
               Haematopoetisch 0.0000
60
                   Haut-Muskel 0.0032
                          Hoden 0.0000
                          Lunge 0.0164
                         Nerven 0.0231
65
                       Prostata 0.0068
                   Sinnesorgane 0.0310
                       Uterus_n 0.0000
```

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_			%Haeufigkeit	
5		0.0156	0.0153	1.0170 0.9833
		0.0090	0.0244	0.3664 2.7290
	Duenndarm Eierstock		0.0496	0.2472 4.0460
	Endokrines Gewebe		0.0338	0.2657 3.7640 0.6038 1.6562
10	Gastrointestinal		0.0324	0.5325 1.8779
	Gehirn		0.0216	0.2057 4.8614
	Haematopoetisch	0.0254	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353 1.3600
15		0.0170	0.0137	1.2336 0.8107
		0.0000	0.0000	undef undef
	_	0.0073	0.0286	0.2540 3.9367
	Magen-Speiseroehre		0.0307	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.28563.5020
20	Pankreas		0.0068 0.0110	2.7756 0.3603 0.7479 1.3371
		0.0120	0.0267	0.4493 2.2259
	Prostata		0.0106	1.2284 0.8141
	Uterus Endometrium		0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium		0.0136	0.5611 1.7821
	Uterus allgemein		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase	0.0089	•	
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0213		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
40	Gehirn Haematopoetisch			
70		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0145		
45	Nebenniere			
	Niere	0.0371		
	Placenta	0.0061		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0377		
50				
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0000		
55	Eierstock_n			•
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
	Gastrointestinal	0.0256		
60	Haematopoetisch			
5 0	Haut-Muskel			
		0.0309		
		0.0164		
		0.0100		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0250		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_			%Haeufigkeit	
5		0.0273	0.0332	0.8214 1.2174
		0.0230	0.0188	1.2250 0.8164
	Duenndarm	0.0276	0.0331	0.8342 1.1988
	Eierstock	0.0210	0.0650	0.3224 3.1022
	Endokrines Gewebe	0.0238	0.0276	0.8645 1.1567
10	Gastrointestinal		0.0463	0.3728 2.6827
	Gehirn		0.0144	0.8228 1.2153
	Haematopoetisch		0.0379	0.5646 1.7711
		0.0147	0.0000	undef 0.0000
1.5	Hepatisch		0.0259	0.1838 5.4400
15		0.0540	0.0550	0.9830 1.0173
		0.0173	0.0585	0.2952 3.3877
	Lunge	0.0322	0.0450	0.7159 1.3969
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0077	3.7816 0.2644
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0600	0.3998 2.5014
20	Niere	0.0353	0.0548	0.64431.5520
	Pankreas		0.0221	0.7479 1.3371
		0.0150	0.0267	0.5616 1.7807
	Prostata		0.0405	0.5926 1.6874
26	Uterus_Endometrium		0.1055	0.2561 3.9053
25	Uterus_Myometrium		0.0068	5.6113 0.1782
	Uterus_allgemein		0.1908	0.0267 37.471
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297		
	Samenblase	0.0534		
30	Sinnesorgane	0.0588		
	Weisse Blutkoerperchen	0.0234		
		0.0106		
	•			
35	•	FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0557		
	Gastrointenstinal			
		0.0063		
40	Haematopoetisch			
	•	0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
4.5		0.0253		
45	Nebenniere			
	Niere	0.0432		
	Placenta	0.0303		
	Prostata	0.1247		
	Sinnesorgane	0.0251		•
50	•			
			•	
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0136		
55	Eierstock n			
	Eierstock_t			
	Endokrines Gewebe			
				•
		0.0256		
60	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0231		
	Lunge	0.0491		
		0.0221		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus n			
	000243_11			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	•	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef 0.0000
		0.0026	0.0075	0.3403 2.9389
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0182	0.1645 6.0803
	Endokrines Gewebe		0.0025	
10	Gastrointestinal			0.6792 1.4722
10			0.0139	0.0000 undef
	Gehirn		0.0041	1.0799 0.9260
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden.	0.0058	0.0117	0.4920 2.0326
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000 undef
20		0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas		0.0055	0.5983 1.6714
		0.0000		
			0.0000	undef undef
	Prostata		0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium		0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium		0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie			•
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse Blutkoerperchen	0.0017		
		0.0106		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	_		•
	Gastrointenstinal			
40		0.0000		
40	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
_	Lunge	0.0036		
45	Nebenniere	0.0254		
	Niere	0.0062		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane			
50				
			BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0000		
55	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0093		
	Gastrointestinal	0.0000		
60	Haematopoetisch	0.0114		
	Haut-Muskel			
		0.0309		
		0.0082		
		0.0060		
65	Prostata			•
33	Sinnesorgane			
	Uterus_n	V.0000	,	

		NORMAL	TUMOR .	Verhaeltnisse
_	·		%Haeufigkeit	
5		0.0039	0.0128	0.3051 3.2777
		0.0141	0.0150	0.9357 1.0687
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0416	0.2159 4.6326
10	Endokrines_Gewebe		0.0176	0.6792 1.4722
10	Gastrointestinal Gehirn		0.0139	0.6903 1.4487
	Haematopoetisch		0.0031 0.1136	4.0798 0.2451 0.0706 14.168
	•	0.0110	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0065	0.7353 1.3600
15	-	0.0191	0.0000	undef 0.0000
		0.0173	0.0117	1.4759 0.6775
		0.0104	0.0164	0.6350 1.5747
	Magen-Speiseroehre		0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett		0.0120	0.5711 1.7510
20		0.0109	0.0137	0.7930 1.2610
	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
		0.0090	0.0267	0.3369 2.9678
	Prostata		0.0021	6.1418 0.1628
	Uterus Endometrium		0.0000	undef undef
25	Uterus Myometrium		0.0136	0.0000 undef
	Uterus allgemein		0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie		******	
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse Blutkoerperchen			
		0.0000		
35		FOETUS		
30		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
		0.0250		
40	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
	Lunge	0.0108		
45	Nebenniere	0.0254		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0377		
50				
		NODMIEDTE / CII	DWDAUTEDWE DI	DI TOMUEVEN
		%Haeufigkeit	BTRAHIERTE BI	PLICINEREN
	Brust	0.0000		
55	Eierstock n			
	Eierstock t			
	Endokrines Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0070		
	Gastrointestinal	0.0000		
60	Haematopoetisch	0.0057		
	Haut-Muskel			
		0.0231		
		0.0082		
	_	0.0191		•
65	Prostata	0.0068		
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0250		
	_			

5	Rlace	NORMAL %Haeufigkeit 0.0351	TUMOR %Haeufigkeit 0.0435	Verhaeltnisse N/T T/N 0.80761.2383
3	Brust	0.0576	0.0489	1.1778 0.8490
	Duenndarm		0.0165	2.0391 0.4904
	Eierstock		0.1353	0.4871 2.0531
10	Endokrines_Gewebe Gastrointestinal	0.0801	0.0878	0.9121 1.0963
10	Gastrointesthai		0.1203	0.3664 2.7294
	Haematopoetisch		0.0298 0.1515	3.5998 0.2778 0.1323 7.5568
		0.0661	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0582	0.7353 1.3600
15		0.0572	0.0687	0.8327 1.2010
	Hoden	0.0460	0.1988	0.2315 4.3193
	Lunge	0.0416	0.0634	0.6555 1.5255
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0613	0.4727 2.1155
	Muskel-Skelett	0.0360	0.0180	1.9989 0.5003
20	Niere	0.0489	0.0411	1.1896 0.8406
	Pankreas	0.1371	0.0552	2.4829 0.4028
		0.0479	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0426	1.7402 0.5747
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium		0.0475	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
30	Samenblase			
30	Sinnesorgane Weisse Blutkoerperchen			
		0.0106		
35	·	FOETUS		
	/	%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
40	Genirn Haematopoetisch	0.0500		
70		0.0000		•
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			•
		0.1120		•
45	Nebenniere			
	Niere	0.0309		
	Placenta	0.1212		
	Prostata	0.0748		
	Sinnesorgane	0.0628		
50				
			BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
55		0.0068		
23	Eierstock_n Eierstock t			
	Endokrines Gewebe			
		0.0262		•
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			•
	Hoden	0.0309		
	Lunge	0.2211		
		0.0502		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	. Uterus_n	0.0125		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_		•	%Haeufigkeit	
5		0.0156	0.0077	2.0339 0.4917
		0.0307	0.0169	1.8147 0.5510
	Duenndarm Eierstock		0.0165	0.7415 1.3487
	Endokrines Gewebe		0.0416 0.0176	0.2878 3.4745 1.5526 0.6441
10	Gastrointestinal		0.0324	0.4733 2.1127
10	Gehirn		0.0154	1.2479 0.8013
	Haematopoetisch		0.0379	0.3882 2.5762
	-	0.0220	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0065	3.6765 0.2720
15		0.0170	0.0137	1.2336 0.8107
		0.0230	0.0234	0.9839 1.0163
	Lunge	0.0177	0.0204	0.8637 1.1579
	 Magen-Speiseroehre 	0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700 0.3891
20	Niere	0.0190	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977 1.2536
	Penis	0.0240	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0109	0.0106	1.0236 0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0213		
35		FOETUS		
JJ		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
		0.0438		
40	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0427		
	Lunge	0.0145		
45	Nebenniere	0.0254		
	Niere	0.0062		
	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0377		
50				
		11001470000 / CH		D. TOWNSON
			BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
	Dwnet	%Haeufigkeit 0.0068		
55	Eierstock n			
33	Elerstock_n Elerstock t			
	Endokrines Gewebe			
		0.0000		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
•		0.0000		
		0.0491		
		0.0231		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			•
	Uterus n			
	000240			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	
5		0.0312	0.0153	2.0339 0.4917
		0.0192	0.0320	0.6005 1.6654
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0416	0.1439 6.9489
10	Endokrines_Gewebe		0.0451	0.6038 1.6562
10	Gastrointestinal Gehirn		0.0093	2.4850 0.4024
	Haematopoetisch		0.0164 0.0379	1.0799 0.9260
	-	0.0073	0.0000	0.4587 2.1798 undef 0.0000
	Hepatisch		0.0065	5.8824 0.1700
15	_	0.0159	0.0000	undef 0.0000
		0.0115	0.0351	0.3280 3.0489
		0.0187	0.0123	1.5241 0.6561
	Magen-Speiseroehre		0.0460	0.0000 undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0109	0.0205	0.5287 1.8915
	Pankreas	0.0083	0.0166	0.49862.0057
		0.0180	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473 0.4885
	Uterus Endometrium	0.0405	0.0528	0.7682 1.3018
25	Uterus_Myometrium		0.0204	1.4964 0.6683
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			•
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0000		
35		FOETUS		
-		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			
40	Haematopoetisch	0.0118		
	Haut	0.0000		
	- Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse	0.0249		
		0.0181		•
45	Nebenniere			
		0.0062		
	Placenta			
	Prostata			
50	Sinnesorgane	0.0000		
30				,
		NODMIEDTE / CIT		DITORUEVEN
		%Haeufigkeit	BTRAHIERTE BI	DDTO1UEVEN
	Brust	0.0272		
55	Eierstock n			
	Eierstock t			
	Endokrines Gewebe			
		0.0151		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
	Lunge	0.0246		
		0.0341		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0125		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	
5		0.0000	0.0102	0.0000 undef
`		0.0051	0.0395	0.12967.7146
	Duenndarm		0.0165	0.5561 1.7982
	Eierstock		0.0312	0.0959 10.4234
10	Endokrines_Gewebe		0.0050	0.0000 undef
10	Gastrointestinal		0.0139	0.2761 3.6217
	Gehirn		0.0113	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch		0.0000	undef undef
13		0.0074	0.0000	undef 0.0000
		0.0000 0.0062	0.0117	0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre		0.0020	3.0482 0.3281 1.2605 0.7933
	Muskel-Skelett		0.0077	
20		0.0034	0.0120	0.2856 3.5020
20			0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef 0.0000
			0.1066	0.0281 35.6140
	Prostata		0.0043	1.0236 0.9769
25	Uterus_Endometrium Uterus Myometrium		0.0000	undef undef
23			0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
30	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0106		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	-		
	Gastrointenstinal			
		0.0000		
40	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0000		
45	Nebenniere			
		0.0000		
	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
50	-			
	•			
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
55	Eierstock n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0101		
	Endokrines Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0087		
	Gastrointestinal	0.0244		
60	Haematopoetisch	0.0057		
	Haut-Muskel			
	Hoden	0.0000		
		0.0082		
		0.0010	•	
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0333		

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5		0.0195	0.0486	0.4014 2.4911
		0.0064	0.0338	0.1890 5.2900
	Duenndarm		0.0165	0.9268 1.0789
	Eierstock		0.0182	0.1645 6.0803
10	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal		0.0139	0.9664 1.0348
	Gehirn		0.0123	0.4200 2.3811
	Haematopoetisch	0.0381	0.0379	0.9528 1.0496
	Hepatisch		0.0847	0.2166 4.6168
15	-	0.0074	0.0388	0.1225 8.1599
		0.0115	0.0234	0.0771 12.970 0.4920 2.0326
		0.0665	0.0573	1.1612 0.8612
	Magen-Speiseroehre		0.0383	0.5042 1.9833
	Muskel-Skelett	0.0788	0.0300	2.6271 0.3807
20		0.0027	0.0068	0.3965 2.5219
	Pankreas	0.0116	0.0166	0.6980 1.4326
	Penis	0.0000	0.0800	0.0000 undef
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142 1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein		0.0954	0.0000 undef
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
70	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0000		
35		FOETUS		•
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
40	Gehirn	·		
40	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
45	Nebenniere	0.0000		
75		0.0062		
	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane			
50	Jamie o o z gane	0.000		
			STRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
	-	%Haeufigkeit		
55		0.0000		
55	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
	Foetal Gastrointestinal	0.0064		
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel	0.0037		
		0.0000		
		0.0000	•	
		0.0000		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus_n			
		·		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051 3.2777
	Brust	0.0153	0.0038	4.0832 0.2449
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0208	0.0000 undef
	Endokrines Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170 0.3681
10	Gastrointestinal		0.0046	1.6567 0.6036
	Gehirn		0.0021	2.5199 0.3968
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0844	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0065	0.0000 undef
15		0.0201	0.0275	
13				0.7324 1.3653
		0.0000	0.0117	0.0000 undef
	•	0.0156	0.0061	2.5402 0.3937
	Magen-Speiseroehre		0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett		0.0060	0.5711 1.7510
20		0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974 1.1143
	Penis	0.0329	0.1066	0.3089 3.2376
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236 0.9769
	Uterus Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus allgemein		0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie			under under
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
50	Weisse Blutkoerperchen			
		0.0852		
	Zervix	0.0852		
35	`	FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
		0.0063		
40	Haematopoetisch		•	
_	-	0.0000		
	Hepatisch		•	
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0000		
45	Nebenniere			
73				
		0.0000		
	Placenta			
	Prostata			
50	Sinnesorgane	0.0000		
50				
		NORMIERTE/SII	BTRAHIERTE BI	DI TOTUEVEN
		%Haeufigkeit	DIMMITENTE BI	BETOTHEREN
	Brust	0.0136		
55	Eierstock n			
,	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
		0.0087		
60	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0154	•	
	-	0.0164		
		0.0020		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0125		
	-			

	•	NORMAL	TUMOR	Verhaeltniss
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441 0.8741
	Brust	0.0038	0.0169	0.2268 4.4083
	Duenndarm		0.0165	1.1122 0.8991
	Eierstock		0.0182	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0326	0.1567 6.3796
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.62131.6096
	Gehirn	0.0067	0.0062	1.0799 0.9260
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0201	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0083	0.0143	0.5806 1.7223
	Magen-Speiseroehre		0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000 undef
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930 1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118 1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223 0.8911
	Uterus allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
	Samenblase	0.0356		
30	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052		
		0.0000		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
	Gehirn	0.0125		
40	Haematopoetisch	0.0118	•	
	Haut	0.0000		
	Hepatisch			
6	Herz-Blutgefaesse	0.0107		•
**	Lunge	0.0181		
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0124		
	Placenta	0.0061		
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0126		
50				
				· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·
			BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
	79 mm 4-	%Haeufigkeit		
55		0.0000		
<i></i>	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
		0.0064		
60	Gastrointestinal			
ŅΨ	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0231		
		0.0164		
65		0.0060		
UJ	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0042		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
•			%Haeufigkeit	
5		0.0078	0.0077	1.0170 0.9833
		0.0051	0.0094	0.5444 1.8368
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0156	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe		0.0150	0.7925 1.2619
10	Gastrointestinal		0.0093	0.6213 1.6096
	Gehirn		0.0082	0.9899 1.0102
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000
15	•	0.0127	0.0065 0.0412	0.0000 undef
13		0.0127	0.0412	0.3084 3.2426
		0.0173	0.0307	undef 0.0000 0.2371 4.2179
	Magen-Speiseroehre		0.0383	0.7563 1.3222
	Muskel-Skelett		0.0060	1.4278 0.7004
20		0.0054	0.0274	0.1983 5.0439
20	Pankreas		0.0166	0.1983 5.0439
		0.0150	0.0533	0.2808 3.5614
	Prostata		0.0106	0.0000 undef
	Uterus_Endometrium		0.0000	undef undef
25	Uterus Myometrium		0.0068	1.1223 0.8911
	Uterus allgemein		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie		0.0000	dider 0.0000
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
-	Weisse Blutkoerperchen			
	Zervix			
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
40	Gehirn			
40	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
AE	-	0.0000		
45	Nebenniere			•
		0.0000	•	
	Placenta			
	Prostata			
50	Sinnesorgane	0.0000		
30				
		NORMTERTE/SU	BTRAHIERTE BI	RI.TOTHEKEN
		%Haeufigkeit	Daniel DI	VINDINDIN
	Brust	0.0000		
55	Eierstock n			
	Eierstock t			
	Endokrines Gewebe,			
	Foetal			
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		•
	Lunge	0.0328		
		0.0040		
65	Prostata	0.0274		
	Sinnesorgane		•	
	Uterus_n	0.0083		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5		0.0000	0.0000	undef undef
	Brust	0.0038	0.0132	0.2917 3.4287
	Duenndarm		0.0165	0.1854 5.3946
	Eierstock		0.0182	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe		0.0075	0.6792 1.4722
10	Gastrointestinal		0.0000	undef 0.0000
	Gehirn		0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
		0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000
13		0.0011	0.0137	0.0771 12.970
		0.0000	0.0000	undef undef
	-	0.0145	0.0061	2.3708 0.4218 0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett		0.0153	
20			0.0000	undef 0.0000
20		0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
		0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0000	undef undef
26	Uterus_Endometrium		0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium		0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
20	Samenblase	_		
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0106		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	-		
	Gastrointenstinal			
		0.0000		
40	Haematopoetisch			
	<u>-</u>	0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0036		
45	Nebenniere			
		0.0000		
	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
50	,			
			BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0068		
55	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
		0.0047		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0077		
		0.0164		
		0.0040		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0000		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	N/T T/N
5		0.0000	0.0153	0.0000 undef
		0.0077	0.0113	0.6805 1.4694
	Duenndarm		0.0000	undef undef
•	Eierstock		0.0286	0.1047 9.5548
10	Endokrines_Gewebe Gastrointestinal	0.0034	0.0075	0.4528 2.2083
10			0.0093	0.2071 4.8289
	Gehirn Haematopoetisch		0.0082 0.0000	0.7200 1.3890 undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0042	0.0000	undef 0.0000
		0.0115	0.0234	0.4920 2.0326
		0.0021	0.0061	0.3387 2.9526
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0054	0.0068	0.7930 1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499 20.057
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369 2.9678
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473 0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie			·
	Prostata-Hyperplasie			
20	Samenblase			
30	Sinnesorgane			•
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0000		
2.6				
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
40		0.0063		
40	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch Herz-Blutgefaesse			
	<u>.</u>	0.0036		
45	Nebenniere			
••		0.0062		
	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane			
50		0.0000		•
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
55	Eierstock n			
	Eierstock t	0.0000	•	
	Endokrines Gewebe	0.0245		
	Foetal	0.0116		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.0082		
<i>c</i>		0.0070		
65	Prostata			
	Sinnesorgane		•	
	Uterus_n	0.0125		

		•		
		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
•	71		%Haeufigkeit	
5		0.0000	0.0051	0.0000 undef
		0.0115	0.0132	0.8750 1.1429
	Duenndarm Eierstock		0.0496	0.6797 1.4713
	Endokrines Gewebe		0.0390	0.0768 13.0292
10	Gastrointestinal		0.0251	0.3396 2.9444
10	Gehirn		0.0879 0.0000	0.8501 1.1763
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000 undef undef
		0.0037	0.0000	undef undef undef 0.0000
	Hepatisch		0.0194	0.2451 4.0800
15	-	0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0351	0.0000 undef
	Lunge	0.0042	0.0143	0.2903 3.4446
	Magen-Speiseroehre		0.0077	6.3027 0.1587
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere	0.0163	0.0137	1.1896 0.8406
	Pankreas	0.0231	0.0166	1.3960 0.7163
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0106	0.61421.6282
	Uterus_Endometrium		0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium		0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein		0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			•
30	Samenblase			
30	Sinnesorgane Weisse Blutkoerperchen			
		0.0106		
•	Zelvix	0.0100		
35	•	FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal		•	
40		0.0188	•	
40	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch Herz-Blutgefaesse			
	-	0.0108		
45	Nebenniere			
		0.0124		
	Placenta			
•	Prostata			
	Sinnesorgane	-		
50	j			
	•		BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
F. C		0.0000		
55	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
		0.0035		
60	Gastrointestinal			
OU	Haematopoetisch Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.0046		
	_	0.0246		
65	Prostata		•	
05	Sinnesorgane			
	Uterus n			
	ocerus_n	0.0000		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_			%Haeufigkeit	
5		0.1092	0.0460	2.3729 0.4214
		0.0627	0.0865	0.7249 1.3795
	Duenndarm		0.1158	0.8739 1.1443
	Eierstock		0.1509	0.3970 2.5190
10	Endokrines_Gewebe		0.2984	0.2854 3.5039
10	Gastrointestinal		0.0925	0.9733 1.0274
	Gehirn Haematopoetisch		0.0637	2.8450 0.3515
		0.0521	0.1136	0.4587 2.1798
	Hepatisch		0.0000 0.0582	undef 0.0000 1.3889 0.7200
15	-	0.1092	0.0962	1.1344 0.8815
••		0.0230	0.0234	0.9839 1.0163
		0.0634	0.1104	0.5739 1.7425
	Magen-Speiseroehre		0.0460	0.8404 1.1900
	Muskel-Skelett		0.0420	1.1014 0.9079
20		0.0706	0.1369	0.5155 1.9400
	Pankreas		0.1049	0.7085 1.4114
		0.1467	0.0800	1.8345 0.5451
	Prostata		0.0873	0.6491 1.5405
	Uterus Endometrium		0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium		0.1155	0.9242 1.0820
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			•
30	Sinnesorgane	0.0353		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0390		•
	Zervix	0.0532		
			•	
35				
33 .		FOETUS		
	Entrei aleluma	%Haeufigkeit		
	Entwicklung Gastrointenstinal			
		0.0938		
40	Haematopoetisch			
	-	0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0397		
45	Nebenniere			
		0.0432		
	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.1381		
50				
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTÉ BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0068		
55	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
		0.0116		
40	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch	-	_	
	Haut-Muskel		•	
		0.0077		
	_	0.0246		
65		0.0753		
0,5	Prostata Sinnesorgane			
	Sinnesorgane Uterus n			
	ocerus_u	0.0300		

		NORMAL	TUMOR -	Verhaeltniss
			%Haeufigkeit	
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627 1.3111
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403 2.9389
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0130	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe		0.0025	1.3585 0.7361
10	Gastrointestinal		0.0093	0.6213 1.6096
	Gehirn		0.0041	0.3600 2.7779
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0042	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	_	0.0010	0.0061	0.1693 5.9051
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
20		0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0000	undef undef
0.5	Uterus_Endometrium		0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium		0.0136	0.0000 undef
	Uterus_allgemein		0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0000		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
		0.0000		
40	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
	-	0.0000		
45	Nebenniere			
		0.0000		
	Placenta			
	Prostata			
50	Sinnesorgane	0.0000		
50				
		NORMIERTE / SU	BTRAHIERTE BI	RI.IOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		•
55	Eierstock n			
	Eierstock t			
	Endokrines Gewebe			
	—	0.0000		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
	Hoden	0.0000		
	Lunge	0.0000		
		0.0010		
65	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n			
	-			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441 0.8741
		0.0077	0.0075	1.0208 0.9796
	Duenndarm	0.0061	0.0331	0.1854 5.3946
	-,	0.0030	0.0390	0.0768 13.0292
		0.0051	0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071 4.8289
	Gehirn		0.0154	0.2880 3.4724
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000 undef 0.0000
		0.0037	0.0000	undef 0.0000 0.0980 10.1999
	Hepatisch	0.0095	0.0970	undef undef
15		0.0000	0.0000 0.0000	undef 0.0000
		0.0115 0.0789	0.0532	1.4850 0.6734
		0.0290	0.0077	3.7816 0.2644
		0.0000	0.0000	undef undef
20	*****	0.0027	0.0205	0.1322 7.5658
20	Pankreas		0.0055	0.5983 1.6714
		0.0120	0.0267	0.4493 2.2259
	Prostata		0.0021	7.1654 0.1396
	Uterus_Endometrium		0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
23	Uterus allgemein		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119		
	Samenblase		•	
30	Sinnesorgane			
50	Weisse Blutkoerperchen			
		0.1917		
35		FOETUS	_	
		%Haeufigkeit	C.	
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
40		0.0000		•
40	Haematopoetisch	0.0000	•	
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
	nerz-Brucgeraess	0.0000		
45	Nebenniere			
45		0.0000		•
		a 0.0061		•
		a 0.0000		
	Sinnesorgan	e 0.0000		
50	_			
			UBTRAHIERTE B	IBLIOTHEKEN
		%Haeufigkei	t	
		t 0.0340		
55	Eierstock_	n 0.0000	,	
	Eierstock	t 0.0101		
	Endokrines_Geweb			
		1 0.0047		
60	Gastrointestina	1 0.0000 5 0.0057		
60	Haematopoetisc			
	Haut-Muske	n 0.0000		
		e 0.0000		
		n 0.0000		
65	Prostat	a 0.0068		
UJ	Sinnesorgar	e 0.0000		
	Simesorya: []terns	n 0.0000		
•	ocerus_	0.0000		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	undef undef
5		0.0000	0.0000 0.0056	0.2268 4.4083
		0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm Eierstock	0.0092	0.0130	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000 undef
10	Gastrointestinai	0.0000	0.0021	0.3600 2.7779
	Haematopoetisch	0.000	0.0000	undef undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000
15		0.0011	0.0000	undef 0.0000
13	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161 0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
20		0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef undef undef undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	under under
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		•
35		FOETUS		
33		%Haeufigkei	t	
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstina:	0.0028		i
	Gehir	n 0.0 00 0		
40	Haematopoetisc	h 0.0000		
	Hau			
	· Hepatisc	h 0.0000		÷
	Herz-Blutgefaess	e 0.0000		
	Lung	e 0.0000		
45	Nebennier	e 0.0000		
	Nier	e 0.0000		
	Placent	a 0.0000		
	Prostat	a 0.0000		
50	Sinnesorgan	e 0.0000		
50				
		NORMIERTE/	SUBTRAHIERTE I	Bibliotheken
		%Haeufigke		
	Brus	st 0.0000		
55	Eierstock_	n 0.0000		
•••	Eierstock	t 0.0051		•
	Endokrines_Gewel	pe 0.0735		
	Foeta	al 0.0000		
	Gastrointestina	al 0.0000		
60	Haematopoetis	ch 0.0057		
	Haut-Musk	el 0.0000		
	Hod	en 0.0000		
	Lun	ge 0.0000		
	Nerv	en 0.0010	•	
65	Prosta	ta 0.0068		
	Sinnesorga	_n 0.0083		
	oterus	_1. 0.0003		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse N/T T/N
_	D1		%Haeufigkeit	1.5254 0.6555
5		0.0039	0.0026 0.0056	1.5879 0.6298
	Duenndarm	0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0156	0.0000 undef
	Endokrines Gewebe		0.0025	2.0377 0.4907
10	Gastrointestinal		0.0025	0.4142 2.4145
10	Gehirn		0.0041	0.3600 2.7779
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0074	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett		0.0060	1.7133 0.5837
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896 0.8406
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0064	0.6824 1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000		
35		FOETUS		
-		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal	0.0028		
		0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0000		
		0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse		,	
		0.0036		
45	Nebenniere			
		0.0000		
	Placenta			
	Prostata Sinnesorgane			
50	Simesorgane	0.0000		
50				
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE B	IBLIOTHEKEN
		%Haeufigkei1		
	Brust	0.0204		•
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0101		
	Endokrines_Gewebe			
		0.0134		•
	Gastrointestina1			
60	Haematopoetisch	0.0000		•
•	Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.0164		
		0.0100		
65		0.0000		
	Sinnesorgane			
	oterus_i	n 0.0042		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse N/T T/N
			%Haeufigkeit	1.7434 0.5736
5	Blase	0.0312	0.0179 0.0244	0.8376 1.1939
		0.0205	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm Eierstock		0.0442	0.1354 7.3832
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	2.0377 0.4907
10	Gastrointestinal	0.0862	0.0463	1.8638 0.5365
10	Gastrointestinai	0.0067	0.0133	0.4984 2.0063
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0477	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676 2.7200
15	Herz	0.0212	0.0412	0.5140 1.9456
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839 1.0163
	Lunge	0.0374	0.0450	0.8313 1.2029
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0600	0.2284 4.3775
20	Niere	0.0054	0.0274	0.1983 5.0439
	Pankreas	0.0066	0.0442	0.1496 6.6857 1.6847 0.5936
	Penis	0.0449	0.0267	1.0236 0.9769
	Prostata	0.0240	0.0234	undef 0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000 0.0136	1.6834 0.5940
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	under creer
	Brust-Hyperplasie	0.0304		
	Prostata-Hyperplasie Samenblase	0.0230		
20	Sinnesorgane	0.0334		
30	Weisse_Blutkoerpercher	0.0303		
	Weisse_BluckGeipelone.	0.0319		
35		FOETUS		
23		%Haeufigkei	t	
	Entwicklung			
	Gastrointenstina:	L 0.0028		
	Gehir	n 0.0000		
40	Haematopoetisc	n 0.0000		
	Hau	0.0000		
	Hepatisc	h 0.0000		
	Herz-Blutgefaess	e 0.0213		
		e 0.0072		
45	Nebennier			
		e 0.0000 a 0.0182		
	Procest	a 0.0000		
	Sinnesorgan	a 0.0000		
50	Simesoryan			
50				
		NORMIERTE/	SUBTRAHIERTE	BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigke	it	
		t 0.0000		
55	Eierstock_	n 0.0000		
-	Eierstock	t 0.0304		
	Endokrines Gewel	oe 0.0000		
	Foeta	1 0.0064		
	Gastrointestina	1 0.0122		
60	Haematopoetis	ch 0.0000		
•	Haut-Musk			
		en 0.0309		
	Lun	ge 0.0164		
	Nerv	en 0.0020	•	
65	Prosta	ta 0.0137		
	Sinnesorga	ne 0.0000		
	Uterus	_n 0.0042		

				•
		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	
5		0.0039	0.0077	0.5085 1.9666
	Brust		0.0188	0.0000 undef
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000 0.27093.6916
	Eierstock		0.0442	0.2709 3.6916 0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe		0.0025 0.0185	0.7248 1.3797
10	Gastrointestinal Gehirn		0.0072	0.1029 9.7228
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
	naematopoetisch	0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0129	0.0000 undef
15		0.0021	0.0000	undef 0.0000
13		0.0000	0.0234	0.0000 undef
		0.0478	0.0450	1.0623 0.9414
	Magen-Speiseroehre		0.0690	0.9804 1.0200
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Pankreas		0.0055	2.0940 0.4775
		0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0128	0.5118 1.9538
	Uterus Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000		
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane	0.0235		
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0106		
35		FOETUS		
33	•	%Haeufigkeit	•	
	Entwicklung		•	
	Gastrointenstinal			
		0.0000		
40	Haematopoetisch			
	Haut			
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0036		
	Lunge	0.0036		r
45	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		•
	Placenta	0.0000		
	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
50	·			
				TOT TOMUEVEN
			UBTRAHIERTE B	IBPIOLHEVEN
	- p	%Haeufigkei	L	
		0.0000		
55	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe	0.0000 L 0.0029		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch	0.0000		
UU	Haut-Muskel	0.0000		
		n 0.0000		
		0.0082		
		n 0.0000		
65		a 0.0000		
0,5	Sinnesorgan			
•		n 0.0000		
	~			

```
Verhaeltnisse
                               NORMAL
                                             TUMOR
                               %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                T/N
                                                          0.3979 2.5129
                        ·Blase 0.0234
                                             0.0588
5
                                                          0.3529 2.8339
                         Brust 0.0179
                                             0.0507
                                                          undef 0.0000
                                             0.0000
                     Duenndarm 0.0245
                                                          0.3289 3.0402
                    Eierstock 0.0180
                                             0.0546
                                             0.0251
                                                          1.2906 0.7749
             Endokrines Gewebe 0.0324
                                             0.0786
                                                          0.4629 2.1603
             Gastrointestinal 0.0364
10
                                                          0.3086 3.2409
                       Gehirn 0.0067
                                             0.0216
               Haematopoetisch 0.0174
                                                          undef 0.0000
                                             0.0000
                                                          undef 0.0000
                         Haut 0.0110
                                             0.0000
                                                           0.1471 6.7999
                     Hepatisch 0.0048
                                             0.0323
                                                          undef 0.0000
                          Herz 0.0042
                                             0.0000
15
                                             0.0117
                                                           0.9839 1.0163
                         Hoden 0.0115
                         Lunge 0.0270
                                             0.0225
                                                           1.2008 0.8328
                                                           0.7563 1.3222
            Magen-Speiseroehre 0.0290
                                             0.0383
                Muskel-Skelett 0.0034
                                                           0.5711 1.7510
                                             0.0060
                                                           0.5287 1.8915
20
                         Niere 0.0326
                                             0.0616
                                             0.0607
                                                           0.2176 4.5964
                      Pankreas 0.0132
                                                           undef 0.0000
                                             0.0000
                         Penis 0.0060
                                                           0.7412 1.3491
                      Prostata 0.0458
                                             0.0617
            Uterus_Endometrium 0.0068
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
                                                           2.2445 0.4455
25
             Uterus Myometrium 0.0152
                                             0.0068
              Uterus_allgemein 0.0000
                                             0.0000
                                                           undef undef
             Brust-Hyperplasie 0.0352
          Prostata-Hyperplasie 0.0476
                    Samenblase 0.0356
                  Sinnesorgane 0.0353
30
        Weisse_Blutkoerperchen 0.0069
                        Zervix 0.0106
.35
                                FOETUS
                                %Haeufigkeit
                   Entwicklung 0.0000
             Gastrointenstinal 0.0167
                         Gehirn 0.0125
40
               Haematopoetisch 0.0079
                          Haut 0.0000
                     Hepatisch 0.0000
              Herz-Blutgefaesse 0.0000
                          Lunge 0.0325
45
                     Nebenniere 0.0000
                          Niere 0.0124
                       Placenta 0.0303
                       Prostata 0.0249
                   Sinnesorgane 0.0000
50
                                 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                 %Haeufigkeit
                          Brust 0.0136
55
                    Eierstock n 0.0000
                    Eierstock_t 0.0253
              Endokrines_Gewebe 0.0000
                         Foetal 0.0169
               Gastrointestinal 0.0488
 60
                Haematopoetisch 0.0114
                    Haut-Muskel 0.0000
                          Hoden 0.0231
                          Lunge 0.0164
                         Nerven 0.0100
 65
                       Prostata 0.0205
                   Sinnesorgane 0.0077
                       Uterus_n 0.0083
```

. 5	Blase	NORMAL %Haeufigkeit 0.0351	TUMOR %Haeufigkeit 0.0256	Verhaeltniss N/T T/N 1.3729 0.7284
J		0.0077	0.0094	0.8166 1.2245
	Duenndarm	0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0156	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal.		0.0463	0.4556 2.1950
	Gehirn		0.0000	undef undef
	Haematopoetisch		0.0000 0.0000	undef 0.0000 undef 0.0000
	Hepatisch	0.0110	0.0065	0.0000 undef
15		0.0000	0.0000	undef undef
13		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0125	0.0204	0.6096 1.640
	Magen-Speiseroehre		0.0307	0.9454 1.057
	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
20	Niere	0.0244	0.0068	3.5687 0.280
	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983 1.671
	Penis	0.0090	0.0000	undef 0.000
	Prostata	0.0109	0.0170	0.6398 1.563
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium		0.0000	undef 0.000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000 undef
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0000	•	
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
,	Gastrointenstinal			
40	Haematopoetisch	0.0000		
40		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0000		
45	Nebenniere			
		0.0062		
	Placenta			
	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
50	_			
			JBTRAHIERTE BI	IBLIOTHEKEN
		%Haeufigkei	t	
		0.0272		
55	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
		0.0023		
60	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			•
		0.0000 0.0410		
		0.0410		
65	Prostata		•	
UJ	Sinnesorgane			•
	Uterus I	0.0000		
	0.005.03_1			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_			%Haeufigkeit	
5	Blase		0.0230	1.3559 0.7375
		0.0435	0.0320	1.3611 0.7347
	Duenndarm		0.0165 0.0676	2.5952 0.3853 0.3100 3.2263
	Eierstock Endokrines Gewebe		0.0752	0.4528 2.2083
10	Gastrointestinal		0.0185	1.2425 0.8048
10	Gehirn		0.0554	0.9466 1.0564
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0330	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0259	0.5515 1.8133
15		0.0329	0.0962	0.3414 2.9288
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839 1.0163
	Lunge	0.0166	0.0327	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0307	0.6303 1.5866
	Muskel-Skelett		0.0240	1.4278 0.7004
20		0.0624	0.0822	0.7600 1.3158
	Pankreas		0.0055	3.2906 0.3039
		0.0419	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0405	0.4310 2.3202
25	Uterus_Endometrium		0.1055	0.1280 7.8106
25	Uterus Myometrium		0.0136 0.0954	2.8057 0.3564 0.6939 1.4412
	Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie		0.0954	0.03331.4412
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
50	Weisse Blutkoerperchen			
		0.0213		
35		FORMUS		
35		FOETUS	=	
	Entwicklung	%Haeufigkeit	•	
	Gastrointenstinal			
		0.0876		
40	Haematopoetisch		•	
, -		0.0000		
	Hepatisch	0.0000 '	•	
	Herz-Blutgefaesse	0.0142		•
	Lunge	0.0434		
45	Nebenniere	0.0000		
		0.0556		
	Placenta			
	Prostata			
50	Sinnesorgane	0.1130		
50		•		
		NORMIERTE/S	UBTRAHIERTE B	IBLIOTHEKEN
		%Haeufigkei		
		0.0000		
55	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
		0.0047		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0154		
		0.0410		
65	Prostata			
O)	Sinnesorgane			
	Uterus n			
	000243_1	. 3.03/0		

```
NORMAL
                                              TUMOR
                                                           Verhaeltnisse
                                %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
5
                                                           0.3051 3.2777
                         Blase 0.0195
                                              0.0639
                         Brust 0.0333
                                              0.0470
                                                           0.7077 1.4129
                     Duenndarm 0.0399
                                              0.1819
                                                           0.2191 4.5647
                     Eierstock 0.0150
                                              0.0702
                                                           0.2132 4.6905
             Endokrines Gewebe 0.0238
                                              0.0903
                                                           0.2642 3.7857
10
              Gastrointestinal 0.0900
                                              0.1110
                                                           0.8111 1.2329
                        Gehirn 0.0067
                                              0.0267
                                                           0.2492 4.0126
               Haematopoetisch 0.0067
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                          Haut 0.0587
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                     Hepatisch 0.0143
                                              0.0323
                                                           0.4412 2.2666
15
                          Herz 0.0011
                                              0.0962
                                                           0.0110 90.7941
                         Hoden 0.0000
                                              0.0234
                                                           0.0000 undef
                         Lunge 0.0062
                                              0.0184.
                                                           0.3387 2.9526
            Magen-Speiseroehre 0.0483
                                              0.3527
                                                           0.1370 7.2985
                Muskel-Skelett 0.0000
                                              0.0360
                                                           0.0000 undef
20
                         Niere 0.0733
                                              0.1575
                                                           0.4655 2.1483
                       Pankreas 0.0694
                                              0.0276
                                                           2.5128 0.3980
                         Penis 0.0090
                                              0.0533
                                                           0.1685 5.9357
                       Prostata 0.0109
                                              0.0255
                                                            0.4265 2.3446
            Uterus Endometrium 0.0270
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
25
             Uterus_Myometrium 0.0076
                                              0.0272
                                                           0.2806 3.5642
              Uterus_allgemein 0.0000
                                              0.4771
                                                            0.0000 undef
             Brust-Hyperplasie 0.0576
          Prostata-Hyperplasie 0.0119
                    Samenblase 0.1068
30
                  Sinnesorgane 0.0235
        Weisse_Blutkoerperchen 0.0061
                        Zervix 0.0319
35
                                FORTUS
                                %Haeufigkeit
                   Entwicklung 0.0000
             Gastrointenstinal 0.0111
                        Gehirn 0.0813
40
               Haematopoetisch 0.0000
                           Haut 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
             Herz-Blutgefaesse 0.0000
                          Lunge 0.0145
45
                     Nebenniere 0.0000
                          Niere 0.0309
                       Placenta 0.0121
                       Prostata 0.0249
                  Sinnesorgane 0.0000
50
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
                          Brust 0.0136
55
                    Eierstock_n 0.0000
                    Eierstock_t 0.0101
             Endokrines_Gewebe 0.0000
Foetal 0.0122
               Gastrointestinal 0.4149
60
                Haematopoetisch 0.0000
                    Haut-Muskel 0.0000
                          Hoden 0.0154
                          Lunge 0.0573
                         Nerven 0.0040
65
                       Prostata 0.0068
                   Sinnesorgane 0.0000
                       Uterus_n 0.0000
```

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	
5	•	0.0078	0.0204	0.3814 2.6222
		0.0102	0.0132	0.7777 1.2858
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0208	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe		0.0075	1.5849 0.6309
10	Gastrointestinal Gehirn		0.0093 0.0144	3.3134 0.3018 0.7714 1.2964
	Haematopoetisch		0.0379	0.2470 4.0483
		0.0441	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000
15	•	0.0170	0.0000	undef 0.0000
		0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0229	0.0245	0.9314 1.0737
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856 3.5020
20		0.0190	0.0205	0.9252 1.0808
	Pankreas		0.0110	0.7479 1.3371
		0.0030	0.0267	0.1123 8.9035
	Prostata		0.0106	0.6142 1.6282
26	Uterus_Endometrium		0.0000	undef 0.0000
25	Uterus Myometrium		0.0272	0.0000 undef
	Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie		0.0000	undef undef
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
50	Weisse Blutkoerperchen			
		0.0106		•
26				
35		FOETUS		
	Entwicklung	%Haeufigkeit		
	Gastrointenstinal			
	·	0.0188		
40	Haematopoetisch			•
	-	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0107	,	
	Lunge	0.0072		
45	Nebenniere			
		0.0185		
	Placenta			
	Prostata			
50	Sinnesorgane	0.0000		
50				
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit	:	
		0.0068		
55	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
		0.0041		
60	Gastrointestinal Haematopoetisch			
00	Haut-Muskel			•
		0.0000		
		0.0082		
		0.0031		
65	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0125		
	_			

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltniss
5		0.0000	0.0051	0.0000 undef
		0.0051	0.0132	0.3889 2.5715
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock Endokrines Gewebe		0.0156 0.0125	0.0000 undef
10	Gastrointestinal		0.0000	0.2717 3.6805 undef 0.0000
	Gehirn		0.0062	0.6000 1.6668
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0037	0.0000	undef 0.0000
٠.	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676 2.7200
15	Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000
		0.0058	0.0000	undef 0.0000
	_	0.0093	0.0123	0.7621 1.3122
	Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett		0.0153	0.6303 1.5866
20		0.0034	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas		0.0068	0.3965 2.5219
		0.0090	0.0055 0.0267	0.2991 3.3428
	Prostata		0.0213	0.3369 2.9678 1.8425 0.5427
	Uterus_Endometrium		0.0000	undef undef
25	Uterus Myometrium		0.0000	undef undef
7	Uterus allgemein		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0106		
35		FOETUS		
	•	%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
	Gastrointenstinal			
40		0.0000		
40	Haematopoetisch	•		
		0.0000	•	
	Heralisch			
	Herz-Blutgefaesse			
45	Nebenniere	0.0072		•
••		0.0247		
	Placenta			
	Prostata			
	Sinnesorgane			
50	,			
		NORMIERTE/SU	DWDYATEDWE D	IDI TOTUEVEN
		%Haeufigkeit	DIKANIEKIE D	IDLIUINEKEN
	Brust	0.0000		
55	Eierstock n		•	
	Eierstock t			
	Endokrines Gewebe	0.0000		
		0.0105		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel		1	
		0.0077	•	
	_	0.0246		
45		0.0020		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	. Uterus_n	0.010/		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_		-	%Haeufigkeit	
5		0.0078	0.0102	0.7627 1.3111
		0.0166	0.0282	0.5898 1.6955
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock Endokrines Gewebe		0.0390 0.0527	0.1535 6.5146 0.7439 1.3442
10	Gastrointestinal		0.0370	0.4142 2.4145
	Gehirn		0.0072	0.8228 1.2153
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
	<u>-</u>	0.0110	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0129	0.0000 undef
15	_	0.0064	0.0687	0.0925 10.8088
	Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0239	0.0470	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994 1.0006
20		0.0299	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas		0.0110	1.6453 0.6078
		0.0210	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0106	2.8662 0.3489
26	Uterus_Endometrium		0.1055	0.1920 5.2070
25	Uterus_Myometrium		0.0136	0.5611 1.7821
	Uterus_allgemein Brust-Hyperplasie		0.0000	undef 0.0000
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
3 0	Sinnesorgane			•
	Weisse_Blutkoerperchen			
		0.0106		
2.5				
35		FOETUS		•
	Protection leaders	%Haeufigkeit		•
	Entwicklung Gastrointenstinal			
		0.0000		
40	Haematopoetisch		•	•
	-	0.0000		,
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			š
	Lunge	0.0145		
45	Nebenniere	0.0000	•	
	Niere	0.0185	•	•
	Placenta			,
	Prostata			
50	Sinnesorgane	0.0126		
30				
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0068		
55	Eierstock_n	0.1595		
	Eierstock_t	0.0101		
	Endokrines_Gewebe			
		0.0408		
60	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000 0.0410		
	-	0.0410		
65	Prostata		•	
33	Sinnesorgane			
	Uterus n			
	555-45			

		NORMAL	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T T/N
5	Blase	0.0117	0.0460	0.2542 3.9333
•		0.0192	0.0376	0.5104 1.9593
	Duenndarm		0.0496	0.0000 undef
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279 7.8175
	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0000	undef 0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
		0.0058	0.0000	undef 0.0000
	_	0.0062		0.6096 1.6403
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett		0.0000	undef. undef
20		0.0271	0.0137	1.9826 0.5044
	Pankreas		0.0221	0.5983 1.6714
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123 8.9035
	Prostata		0.0298	0.8043 1.2434
	Uterus_Endometrium		0.0528	0.0000 undef
25	. Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef
	Oterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000 undef
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		
	Zervix	0.0106		•
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit	•	
	Entwicklung	0.0000		•
	Gastrointenstinal	0.0000		
		0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
		0.0000	•	
45	Nebenniere			
		0.0000		
	Placenta			
	Prostata			
**	Sinnesorgane	0.0000		
50				•
		NODMIEDTE/SII	BTRAHIERTE BI	RITOTUEVEN
		%Haeufigkeit		BEIOINEREN
	Brust	0.0408		
55	Eierstock n			
	Eierstock t			
	Endokrines Gewebe			
		0.0122		
	Gastrointestinal		,	
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.0246		
	-	0.0000		
65	Prostata		•	
	Sinnesorgane			
	Uterus r			
	0.6143_1	. 3.0000		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_			%Haeufigkeit	
5	Blase		0.0051	0.7627 1.3111
	Brust		0.0207	0.2475 4.0410
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0338	0.0886 11.2920
••	Endokrines_Gewebe		0.0025	0.67921.4722
10	Gastrointestinal		0.0185	0.2071 4.8289
	Gehirn		0.0092	0.2400 4.1669
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
		0.0037	0.0847	0.0433 23.0839
15	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0053	0.0275	0.1927 5.1882
	Hoden		0.0000	undef 0.0000
	Lunge		0.0041 0.0000	1.0161 0.9842
	Magen-Speiseroehre			undef undef
20	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
20	Niere		0.0000	undef 0.0000
	Pankreas		0.0055	0.5983 1.6714
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Endometrium		0.0000	undef 0.0000
23	Uterus_Myometrium		0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie		•	
	Prostata-Hyperplasie			
30	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen	and the second s		
	Zervix	0.0213		
35		FOETUS	•	
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		•
	Gastrointenstinal	0.0028		
	Gehirn			
40	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
	_	0.0036		
45	Nebenniere			
		0.0062		
	Placenta	•		
	Prostata			
60	Sinnesorgane	0.0251		
50				
		NORMTERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEREN
		%Haeufigkeit		JUL O I HUICUN
	Brust	0.0000		
55	Eierstock n			
	Eierstock t			
	Endokrines Gewebe		•	
		0.0035		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.0000		
		0.0020		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus n	0.0375		
		-		

```
NORMAL
                                             TUMOR
                                                           Verhaeltnisse
                                %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
5
                         Blase 0.0117
                                             0.0409
                                                           0.2860 3.4963
                         Brust 0.0256
                                             0.0376
                                                           0.6805 1.4694
                     Duenndarm 0.0399
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
                     Eierstock 0.0090
                                             0.0390
                                                           0.2303 4.3431
             Endokrines Gewebe 0.0477
                                             0.0702
                                                           0.6792 1.4722
10
              Gastrointestinal 0.0479
                                             0.0231
                                                           2,0708 0.4829
                        Gehirn 0.0229
                                             0.0349
                                                           0.6564 1.5234
               Haematopoetisch 0.0281
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
                          Haut 0.0624
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
                     Hepatisch 0.0048
                                             0.0259
                                                           0.1838 5.4400
15
                          Herz 0.0519
                                                           undef 0.0000
                                             0.0000
                         Hoden 0.0230
                                             0.0468
                                                           0.4920 2.0326
                         Lunge 0.0270
                                             0.0491
                                                           0.5504 1.8170
            Magen-Speiseroehre 0.0387
                                             0.0230
                                                           1.6807 0.5950
                Muskel-Skelett 0.0377
                                             0.0840
                                                           0.4487 2.2286
20
                         Niere 0.0462
                                             0.0411
                                                           1.1235 0.8901
                      Pankreas 0.0116
                                             0.0276
                                                           0.4188 2.3877
                         Penis 0.0150
                                             0.0533
                                                           0.2808 3.5614
                      Prostata 0.0283
                                             0.0490
                                                           0.5786 1.7284
            Uterus Endometrium 0.0541
                                             0.0528
                                                           1.0243 0.9763
25
             Uterus_Myometrium 0.0305
                                             0.0272
                                                           1.1223 0.8911
              Uterus allgemein 0.0255
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
             Brust-Hyperplasie 0.0192
          Prostata-Hyperplasie 0.0386
                    Samenblase 0.0267
30
                  Sinnesorgane 0.0353
        Weisse_Blutkoerperchen 0.0312
                        Zervix 0.0213
35
                                FOETUS
                                %Haeufigkeit
                   Entwicklung 0.0139
             Gastrointenstinal 0.0611
                        Gehirn 0.0063
40
               Haematopoetisch 0.0157
                           Haut 0.0000
                     Hepatisch 0.0000
             Herz-Blutgefaesse 0.0320
                         Lunge 0.0397
45
                    Nebenniere 0.0507
                         Niere 0.0247
                       Placenta 0.0303
                       Prostata 0.1247
                  Sinnesorgane 0.0377
50
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
                          Brust 0.0000
55
                   Eierstock_n 0.1595
                    Eierstock_t 0.0000
             Endokrines_Gewebe 0.0000
                         Foetal 0.0029
              Gastrointestinal 0.0000
60
                Haematopoetisch 0.0000
                   Haut-Muskel 0.0000
                          Hoden 0.0000
                          Lunge 0.0164
                         Nerven 0.0050
65
                       Prostata 0.0068
                   Sinnesorgane 0.0000
                       Uterus_n 0.0000
```

			•	
		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	
5		0.0039	0.0051	0.7627 1.3111
		0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0702	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal Gehirn		0.0185	1.0354 0.9658
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
	•	0.0000	0.0000 0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef undef undef undef
15		0.0000	0.0000	under under undef undef
		0.0058	0.0000	undef 0.0000
		0.0052	0.0020	2.5402 0.3937
	Magen-Speiseroehre		0.0230	0.8404 1.1900
	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
20		0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas		0.0110	0.1496 6.6857
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0000	undef 0.0000
	Uterus Endometrium		0.0000	undef undef
25	Uterus Myometrium		0.0000	undef undef
	Uterus allgemein		0.0954	0.0000 undef
	Brust-Hyperplasie		,	o.ooo ander
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse Blutkoerperchen			
	Zervix			
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		•
	Entwicklung	0.0000		•
	Gastrointenstinal	0.0028		
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse	0.0000		
,		0.0000		
45	Nebenniere	0.0000		
		0.0000		
	Placenta			
	Prostata		•	
50	Sinnesorgane	0.0000		
50				
			BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
	D	%Haeufigkeit		
55		0.0000		
JJ	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
	Gastrointestinal	0.0047		
60				
JU	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel	, –		
		0.0000		
	_	0.0000		
65		0.0010	•	
93	Prostata			•
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0101		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5	Blase	%Haeufigkeit 0.0000	0.0026	N/T T/N 0.0000 undef
•		0.0038	0.0038	1.0208 0.9796
	Duenndarm		0.0165	0.3707 2.6973
	Eierstock		0.0208	0.1439 6.9489
	Endokrines Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755 0.2454
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425 0.8048
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599 1.0417
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz	0.0095	0.0000	undef 0.0000
		0.0058	0.0000	undef 0.0000
	_	0.0073	0.0123	0.5927 1.6872
	Magen-Speiseroehre		0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0081	0.0068	1.1896 0.8406
	Pankreas		0.0055	0.2991 3.3428
		0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata		0.0021	3.0709 0.3256
26	Uterus_Endometrium		0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium		0.0000	undef undef
	_Uterus_allgemein		0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
20	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0000		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	-		• .
	Gastrointenstinal	0.0056		."
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0039		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0260		
	Herz-Blutgefaesse			
	-	0.0036		
45	Nebenniere			
		0.0124		
	Placenta			
	Prostata		•	
60	Sinnesorgane	0.0000		
50				
			BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
	B	%Haeufigkeit		
55		0.0000		
33	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
	Foetal			•
60	Gastrointestinal			
JU	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0154		
	<u>-</u>	0.0082		
65	nerven Prostata	0.0060		
95	Sinnesorgane			
	Uterus n			
	oceras	0.0200		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_		%Haeufigkeit	-	
5		0.0078	0.0128	0.6102 1.6389
		0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock Endokrines Gewebe		0.0208	0.0000 undef
10	Gastrointestinal		0.0000 0.0879	undef 0.0000 0.58861.6991
10	Gehirn		0.0000	undef undef
•	Haematopoetisch		0.0000	under under
	_	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch		0.0518	0.7353 1.3600
15	· ·	0.0000	0.0000	undef undef
		0.0000	0.0000	undef undef
		0.0010	0.0164	0.0635 15.7470
	Magen-Speiseroehre		0.0230	1.2605 0.7933
	Muskel-Skelett		0.0000	undef undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991 3.3428
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118 1.9538
	Uterus_Endometrium		0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium		0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein		0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0000		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		•
	Gastrointenstinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0000		
		0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse		•	
45		0.0000		
45	Nebenniere			
		0.0000		
	Placenta			
	Prostata Sinnesorgane			
50	51iiiesOrgane	0.0000		
50				
	· .	NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE B	IBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t			•
	Endokrines_Gewebe	0.0000		
		0.0000		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.0000		
		0.0000		
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Oterus_n	0.0000		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5		0.0000	0.0026	0.0000 undef
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268 4.4083
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal		0.0046	0.4142 2.4145
	Gehirn		0.0031	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef 0.0000
	-	0.0073	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000	undef undef
15		0.0042	0.0000	undef 0.0000
		0.0058	0.0000	undef 0.0000
		0.0010	0.0061	0.1693 5.9051
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0017		
20			0.0068	0.3965 2.5219
	Pankreas		0.0000	undef undef
		0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0021	1.0236 0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
	Prostata-Hyperplasie	0.0030		
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse Blutkoerperchen			
	Zervix			
	501.1	0.0000		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
	Gastrointenstinal	0.0000		
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch			
	-	0.0000		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
		0.0036		
45	Nebenniere			
7.7				
		0.0062		
	Placenta			
	Prostata			
c 0	Sinnesorgane	0.0000		,
50				
		NODMIEDTE/CII	BTRAHIERTE BI	DITOTURVEN
		%Haeufigkeit		DETOTREMEN
	Brust	0.0000		
55	Eierstock n			
,,	-		•	
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
		0.0023		
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
	Lunge	0.0082		
	Nerven	0.0000		~
65	Prostata	0.0068		
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	0.0000		

			-	•
		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	
5	Blase	0.0117	0.0153	0.7627 1.3111
	Brust	0.0026	0.0132	0.1944 5.1431
	Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854 5.3946
	Eierstock		0.0156	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef undef
10	Gastrointestinal		0.0046	0.4142 2.4145
	Gehirn		0.0062	0.4800 2.0835
	Haematopoetisch		0.0000	undef undef
	Haut		0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0021	0.0518 0.0000	3.4008 0.2941 undef 0.0000
1.5		0.0021	0.0117	0.4920 2.0326
		0.0010	0.0082	0.1270 7.8735
	Magen-Speiseroehre		0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett		0.0060	3.1411 0.3184
20		0.0081	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata	0.0174	0.0277	0.6299 1.5875
	Uterus_Endometrium		0.0528	0.0000 undef
25	Uterus_Myometrium		0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein		0.0954	0.0000 undef
	Brust-Hyperplasie			
	Prostata-Hyperplasie			
20	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0000		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit		•
	Entwicklung			•
	Gastrointenstinal			
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0000		
		0.0000		
	Hepatisch			
•	Herz-Blutgefaesse			
46		0.0000		
45	Nebenniere			
	Placenta	0.0000		
	Prostata		•	
	Sinnesorgane			
50	51.m.esorgane	0.0000		
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0000	r.	
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
		0.0035		
60	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel	0.0000		
		0.0000		
	_	0.0010		
65	Prostata			
	. Sinnesorgane			
	Uterus n			
	2.02.00	•		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
			%Haeufigkeit	
5		0.1053	0.1125	0.9361 1.0683
		0.1164	0.1015	1.1468 0.8720
	Duenndarm Eierstock		0.0662 0.1015	0.7415 1.3487
	Endokrines Gewebe		0.0251	0.4723 2.1173 2.2415 0.4461
10	Gastrointestinal		0.1758	0.5777 1.7311
10	Gehirn		0.1273	0.2322 4.3058
	Haematopoetisch		0.0000	undef 0.0000
	-	0.2166	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0809	0.1035	0.7813 1.2800
15	Herz	0.4133	0.2612	1.5825 0.6319
	Hoden	0.0748	0.0468	1.5989 0.6254
	Lunge	0.1506	0.1227	1.2278 0.8145
	Magen-Speiseroehre		0.1073	1.9808 0.5048
	Muskel-Skelett		0.1680	0.4793 2.0863
20		0.0543	0.0890	0.6100 1.6393
	Pankreas		0.1712	0.3281 3.0479
•		0.1497	0.2399	0.6240 1.6026
	Prostata		0.0362	2.3483 0.4258
25	Uterus_Endometrium		0.0000	undef 0.0000
23	Uterus_Myometrium Uterus allgemein		0.1019	0.4489 2.2276
	Brust-Hyperplasie		0.0000	undef 0.0000
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	Weisse Blutkoerperchen			
	Zervix			
35		POPMUC		
33		FOETUS		
	Entwick1ung	%Haeufigkeit		•
	Gastrointenstinal			
	Gehirn			•
40	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse	0.0961		
	Lunge	0.0867		
45	Nebenniere			
		0.0309		
	Placenta			
	Prostata			
50	Sinnesorgane	0.0251		
50	•			
	·	NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
		0.0544		
55	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
	Endokrines_Gewebe			
		0.0466		•
60	Gastrointestinal Haematopoetisch			
50	Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.1474		
		0.0110		
65	Prostata			
	Sinnesorgane	0.0000		
	Uterus_n	0.0042		
	_			

•		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_		-	%Haeufigkeit	N/T T/N
5		0.0039	0.0026	1.5254 0.6555
		0.0013	0.0019	0.6805 1.4694
	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0182	0.0000 undef
••	Endokrines_Gewebe		0.0075	0.2264 4.4166
10	Gastrointestinal		0.0093	0.0000 undef
	Gehirn		0.0021	1.4399 0.6945
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0065	0.0000 undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693 5.9051
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278 0.7004
20	Niere	0.0027	0.0205	0.1322 7.5658
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966 0.8357
	Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0021	2.0473 0.4885
	Uterus Endometrium		0.0000	undef 0.0000
25	Uterus Myometrium		0.0068	1.1223 0.8911
	Uterus allgemein		0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie		0.0000	ander ander
	Prostata-Hyperplasie			
	Samenblase	_		
30				
30	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			
	Zervix	0.0000		
35		FOETUS		
		%Haeufigkeit	•	
	Entwicklung	0.0000		•
	Gastrointenstinal	0.0028	•	
	Gehirn	0.0000		
40	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
	Herz-Blutgefaesse			
	_	0.0000		
45	Nebenniere			
		0.0062		
	Placenta			
•	Prostata			
	Sinnesorgane			
50	Jimesorgane	0.0000		
50				
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
	Brust	0.0000		
55	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock t	0.0000		
	Endokrines Gewebe			
	_			
	Gastrointestinal			
60	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
		0.0000		
		0.0164		
65		0.0030		\
65	Prostata			
	Sinnesorgane			
	Uterus_n	U.0125		

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5	B Lymphom		%Haeufigkeit	
		0.0025	0.0000 0.0047	undef 0.0000 0.0000 undef
		0.0018	0.0014	1.2524 0.7985
	. Dickdarm		0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm		0.0213	0.1288 7.7625
10	Eierstock		0.0167	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe		0.0000	undef 0.0000
	Gehirn		0.0010	1.1605 0.8617
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz	0.0051	0.0000	undef 0.0000
		0.0080	0.0118	0.6786 1.4737
		0.0029	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
20	Muskel-Skelett		0.0037	0.0000 undef
20		0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
	Prostata T Lymphom		0.0000	undef 0.0000
	T_Lymphom Uterus		0.0000 0.0000	undef 0.0000 undef undef
25	Weisse Blutkoerperchen		0.0000	under under undef undef
	Haematopoetisch		0.0000	under under
	-	0.0000		
	Samenblase			
	Sinnesorgane	0.0000		
30				
		FOETUS		
		%Haeufigkeit	•	
35	Entwicklung Gastrointenstinal			
22	Gastrointenstinai Gehirn	· ·		
	Haematopoetisch		•	
		0.0000		
	Hepatisch			
40	Herz-Blutgefaesse			
		0.0000	•	•
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
4.5	Placenta			
45	Prostata		,	
	Sinnesorgane	0.0000		
		NODMIEDTE / CII	BTRAHIERTE BI	DI TOTUEVEN
		%Haeufigkeit	BIRANIERIE BI	BEIGINEREN
50	Brust	0.0000		
	Brust t			
	Dickdarm t			
	Eierstock_n			
	Eierstock_t	0.0000		
55	Endokrines_Gewebe	0.0000		
		0.0035		
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
60	Haut-Muskel			
v	Hoden_n			
	Hoden_t			
	Lunge_n Lunge_t			
		0.0030		
65	Niere t			
	Ovar Uterus			
	Prostata_n			
_	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen			
	-			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
5'			%Haeufigkeit	N/T T/N
	B_Lymphom		0.0000	undef undef
	Blase	0.0117	0.0023	4.9785 0.2009
		0.0070	0.0014	5.0097 0.1996
	Dickdarm		0.0057	0.0000 undef
10	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
	Eierstock		0.0119	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe		0.0089	0.3621 2.7613
	Gehirn		0.0000	undef 0.0000
		0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch		0.0000	undef undef
		0.0081	0.0000	undef 0.0000
•		0.0000	0.0000	undef undef
	_	0.0019	0.0000	undef 0.0000
20	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett		0.0037	0.0000 undef
	niere Pankreas	0.0022	0.0000	undef 0.0000 undef 0.0000
	Pankreas Prostata		0.0000	
	T_Lymphom		0.0000 0.0075	undef 0.0000 0.3381 2.9576
25		0.0023	0.0138	0.4284 2.3344
25	Weisse Blutkoerperchen		0.0000	undef undef
	Haematopoetisch		0.0000	ander ander
	•	0.0027		
	Samenblase			
30	Sinnesorgane			
	- 3.		,	
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		•
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointenstinal			
		0.0000		
	Haematopoetisch			•
		0.0000		
40	Hepatisch			
40	Herz-Blutgefaesse			
	_	0.0000		
	Nebenniere	0.0062		
	Placenta			
45	Prostata			
75	Sinnesorgane			
	516561.ga6			
	•	NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
50		0.0000		•
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n			
	Eierstock_t			
55	Endokrines_Gewebe			
		0.0070		
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
. 60	Haut-Muskel			
60	Hoden_n			•
		0.0000		
		0.0195		
65		0.0000		
05	Ovar Uterus			
	Prostata n			
	Sinnesorgane			
	Weisse Blutkoerperchen			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_		%Haeufigkeit		it N/T T/N
5	B_Lymphom		0.0000	undef undef
		0.0000	0.0023	0.0000 undef
		0.0062	0.0000	undef 0.0000
	Dickdarm		0.0085	0.2243 4.4591
10	Duenndarm		0.0000	undef undef
10	Eierstock		0.0525	0.0000 undef
	Endokrines_Gewebe		0.0071	0.4527 2.2091
	Gehirn		0.0020	1.1605 0.8617
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef
15	-	0.0051	0.0063 0.0000	0.0000 undef undef 0.0000
.,		0.0000	0.0000	under 0.0000 undef undef
		0.0088	0.0037	2.3680 0.4223
	Magen-Speiseroehre		0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett		0.0000	undef 0.0000
20		0.0022	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas		0.0000	undef 0.0000
	Prostata		0.0013	2.1706 0.4607
	T Lymphom		0.0224	0.2254 4.4364
		0.0015	0.0000	undef 0.0000
25	Weisse Blutkoerperchen		0.0304	0.0902 11.089
	Haematopoetisch			010302 221003
		0.0000		
	Samenblase			
	Sinnesorgane	0.0000		
30	-			
	•	FOETUS		
	•	%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal	0.0000		
		0.0000		
	Haematopoetisch			•
•		0.0000		
40	Hepatisch			
40	Herz-Blutgefaesse			
	_	0.0036		
	Nebenniere			
		0.0062		
45	Placenta			
73	Prostata Sinnesorgane			
	Simesorgane	0.0251		
	•	NORMIERTE/SU	BTDAUTEDTE .	DIDITOTURVEN
		%Haeufigkeit	DIKMILENIE .	DIBLIOINEREN
50	Brust	0.0000		•
	Brust t			
	Dickdarm_t		•	
	Eierstock n			
	Eierstock t	•		
55	Endokrines Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0098		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut-Muskel	0.0065		
60	Hoden_n	0.0000		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0000		
	Lunge_t	0.0000		
	Nerven	0.0060		
65	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus			
	Prostata_n			
	Sinnesorgane		•	
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

```
NORMAL
                                             TUMOR
                                                           Verhaeltnisse
                                %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
5
                     B Lymphom 0.0025
                                                           undef 0.0000
                                             0.0000
                         Blase 0.0000
                                             0.0000
                                                           undef undef
                         Brust 0.0009
                                             0.0014
                                                           0.6262 1.5969
                      Dickdarm 0.0000
                                             0.0000
                                                           undef undef undef undef 0.0000
                     Duenndarm 0.0027
                                             0.0000
10
                     Eierstock 0.0000
                                                           0.0000 undef
                                             0.0191
                                             0.0000
             Endokrines Gewebe 0.0000
                                                           undef undef
                        Gehirn 0.0006
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
                          Haut 0.0000
                                             0.0000 .
                                                           undef undef
                     Hepatisch 0.0000
                                             0.0000
                                                           undef undef
15
                          Herz 0.0010
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
                         Hoden 0.0000
                                             0.0000
                                                           undef undef
                         Lunge 0.0000
                                             0.0000
                                                           undef undef
            Magen-Speiseroehre 0.0000
                                             0.0000
                                                           undef undef
                Muskel-Skelett 0.0000
                                             0.0000
                                                           undef undef
20
                                                           undef undef
                         Niere 0.0000
                                             0.0000
                      Pankreas 0.0000
                                             0.0055
                                                           0.0000 undef
                      Prostata 0.0019
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
                     T_Lymphom 0.0051
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
                        Uterus 0.0015
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
25
        Weisse Blutkoerperchen 0.0034
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
               Haematopoetisch 0.0013
                         Penis 0.0000
                    Samenblase 0.0070
                  Sinnesorgane 0.0000
30
                                FOETUS
                                %Haeufigkeit
                   Entwicklung 0.0000
             Gastrointenstinal 0.0000
35
                        Gehirn 0.0188
               Haematopoetisch 0.0000
                          Haut /0.0000
                     Hepatisch 0.0000
             Herz-Blutgefaesse 0.0000
40
                         Lunge 0.0000
                    Nebenniere 0.0000
                         Niere 0.0000
                       Placenta 0.0000
                       Prostata 0.0000
45
                   Sinnesorgane 0.0000
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
50
                         Brust 0.0000
                        Brust_t 0.0000
                    Dickdarm_t 0.0000
                   Eierstock n 0.0000
                   Eierstock_t 0.0000
55
             Endokrines Gewebe 0.0000
                        Foetal 0.0023
              Gastrointestinal 0.0000
               Haematopoetisch 0.0000
                   Haut-Muskel 0.0000
60
                        Hoden_n 0.0000
                        Hoden_t 0.0000
                        Lunge n 0.0000
                        Lunge_t 0.0000
                        Nerven 0.0000
65
                        Niere_t 0.0000
                    Ovar Uterus 0.0023
                     Prostata n 0.0061
                   Sinnesorgane 0.0000
        Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	B_Lymphom		0.0000	undef 0.0000
		0.0156	0.0023	6.6380 0.1506
		0.0158	0.0056	2.8179 0.3549
	Dickdarm		0.0028	1.3456 0.7432
10	Duenndarm		0.0320	0.3435 2.9109
10	Eierstock		0.0334	0.5333 1.8752
	Endokrines_Gewebe		0.0213	0.3018 3.3136
	Gehirn		0.0060	1.3539 0.7386
		0.0110	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch		0.0190	0.7324 1.3653
15		0.0193	0.0000	undef 0.0000
		0.0080	0.0118	0.6786 1.4737
	_	0.0175	0.0129	1.3531 0.7390
	Magen-Speiseroehre		0.0064	0.0000 undef
	Muskel-Skelett		0.0111	0.1546 6.4671
20		0.0045	0.0096	0.46422.1540
	Pankreas		0.0000	undef .0.0000
	Prostata		0.0091	1.1370 0.8795
	T_Lymphom		0.0149	0.6762 1.4788
26	Uterus		0.0230	0.8353 1.1971
25	Weisse_Blutkoerperchen		0.0304	0.1803 5.5448
	Haematopoetisch			
		0.0080		
	Samenblase			
20	Sinnesorgane	0.0118		
30				
•		FOETUS		
	Barra 1 - 1-1	%Haeufigkeit		
	Entwicklung			;
35	Gastrointenstinal			
33	Gehirn			
	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch			•
40	Herz-Blutgefaesse			•
40		0.0000		
	Nebenniere	0.0254		
	Placenta			
	Prostata			
45	Sinnesorgane			
73	Simesorgane	0.0231		
		NODMIEDTE / CIT	BTRAHIERTE BI	DITATUTEN
		%Haeufigkeit	DIKANIEKIE DI	PPIOLUEVEN
50	Brust	0.0000		
50	Brust t			
	Dickdarm_t			
	Eierstock n			
	Eierstock t			
55	Endokrines Gewebe			
<i>55</i>		0.0162		
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
60	Hoden n			•
70	Hoden t			
	Lunge n			
•	Lunge t			
		0.0100		
65	Niere_t			
95	Ovar Uterus			
	Prostata n			
	-			
	Sinnesorgane Weisse Blutkoerperchen			
	werpse_prockoerbergueu	0.0000		

```
NORMAL
                                              TUMOR
                                                           Verhaeltnisse
                                %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
5
                     B Lymphom 0.0125
                                              0.0136
                                                           0.9198 1.0872
                          Blase 0.0039
                                              0.0188
                                                           0.2075 4.8204
                          Brust 0.0114
                                             0.0281
                                                           0.4070 2.4568
                      Dickdarm 0.0211
                                              0.0142
                                                           1.4801 0.6756
                      Duenndarm 0.0082
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
10
                     Eierstock 0.0089
                                              0.0286
                                                           0.3111 3.2147
             Endokrines_Gewebe 0.0161
                                              0.0151
                                                           1.0599 0.9435
                        Gehirn 0.0211
                                              0.0110
                                                           1.9234 0.5199
                           Haut 0.0110
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                     Hepatisch 0.0046
                                                           0.3662 2.7307
                                              0.0127
15
                           Herz 0.0162
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                                                           0.4523 2.2108
                          Hoden 0.0080
                                              0.0178
                         Lunge 0.0136
                                              0.0111
                                                           1.2278 0.8145
            Magen-Speiseroehre 0.0072
                                              0.0128
                                                           0.5666 1.7648
                Muskel-Skelett 0.0188
                                              0.0185
                                                           1.0206 0.9799
20
                          Niere 0.0157
                                              0.0145
                                                           1.0831 0.9232
                       Pankreas 0.0083
                                              0.0221
                                                           0.3739 2.6743
                      Prostata 0.0123
                                              0.0039
                                                           3.1352 0.3190
                      T_Lymphom 0.0000
                                              0.0149
                                                           0.0000 undef
                        Uterus 0.0077
                                              0.0230
                                                           0.3368 2.9694
25
        Weisse_Blutkoerperchen 0.0082
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
               Haematopoetisch 0.0094
                          Penis 0.0107
                     Samenblase 0.0070
                  Sinnesorgane 0.0235
30
                                FOETUS
                                %Haeufigkeit
                    Entwicklung 0.0000
             Gastrointenstinal 0.0111
35
                         Gehirn 0.0000
               Haematopoetisch 0.0039
                      Haut 0.0000
Hepatisch 0.0260
             Herz-Blutgefaesse 0.0107
40
                          Lunge 0.0072
                     Nebenniere 0.0000
                          Niere 0.0124
                       Placenta 0.0000
                       Prostata 0.0000
45
                  Sinnesorgane 0.0000
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                 %Haeufigkeit
50
                          Brust 0.0000
                        Brust t 0.0000
                     Dickdarm_t 0.0000
                    Eierstock_n 0.1595
                    Eierstock_t 0.0203
55
             Endokrines_Gewebe 0.0000
                         Foetal 0.0069
               Gastrointestinal 0.0488
                Haematopoetisch 0.0000
                    Haut-Muskel 0.0032
60
                        Hoden_n 0.0167
                        Hoden t 0.0000
                        Lunge_n 0.0195
                        Lunge_t 0.0000
                         Nerven 0.0060
65
                        Niere_t 0.0000
                    Ovar Uterus 0.0158
                     Prostata_n 0.0061
                   Sinnesorgane 0.0000
        Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
_			%Haeufigkeit	
5	B_Lymphom		0.0136	1.1037 0.9060
		0.0273	0.0211	1.2907 0.7748
		0.0229	0.0632	0.3618 2.7639
	Dickdarm		0.0256	1.0466 0.9555
10	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock		0.0501	0.1778 5.6255
	Endokrines_Gewebe		0.0142	1.3580 0.7364
	Gehirn	0.0041	0.0160	0.2539 3.9391 undef 0.0000
	Hepatisch		0.0000 0.0254	1.8311 0.5461
15	-	0.0091	0.0234	0.2215 4.5144
13		0.0120	0.0000	undef 0.0000
		0.0204	0.0185	1.1050 0.9049
	Magen-Speiseroehre		0.0384	0.7557 1.3233
	Muskel-Skelett		0.0185	0.3711 2.6946
20		0.0537	0.0289	1.8570 0.5385
	Pankreas		0.0110	3.4403 0.2907
	Prostata		0.0130	2.5323 0.3949
	T Lymphom		0.0075	0.6762 1.4788
		0.0148	0.0138	1.0709 0.9338
25	Weisse Blutkoerperchen	0.0075	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch	0.0147		
	Penis	0.0054		
	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0235		
30				
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
35	Gastrointenstinal			
		0.0000	•	
	Haematopoetisch	0.0039		
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
40		0.0000		
	Nebenniere			
		0.0062		
	Placenta			
	Prostata	0.0249		
45	Sinnesorgane	0.0000		
			BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
50		%Haeufigkeit		
50		0.0204		
•	Brust_t			
	Dickdarm_t Eierstock n	,		
	Eierstock t			
55	Endokrines_Gewebe		•	
	Foetal			
	Gastrointestinal			
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
60		0.0000		
		0.0000		
		0.0000		
		0.0000		
		0.0040		
65	Niere_t	0.0000	•	
	Ovar_Uterus			
	Prostata_n			
	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

```
NORMAL
                                             TUMOR
                                                           Verhaeltnisse
                                %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                  T/N
5
                     B Lymphom 0.0000
                                              0.0272
                                                           0.0000 undef
                         Blase 0.0117
                                                           4.9785 0.2009
                                             0.0023
                         Brust 0.0141
                                                           0.9109 1.0979
                                             0.0155
                      Dickdarm 0.0920
                                             0.0968
                                                           0.9498 1.0528
                     Duenndarm 0.0247
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
10
                     Eierstock 0.0208
                                             0.0882
                                                           0.2354 4.2478
             Endokrines_Gewebe 0.0016
                                                           undef 0.0000
                                             0.0000
                        Gehirn 0.0000
                                             0.0010
                                                           0.0000 undef
                          Haut 0.0000
                                             0.0000
                                                           undef undef
                     Hepatisch 0.0000
                                              0.0444
                                                           0.0000 undef
15
                          Herz 0.0000
                                              0.0000
                                                           undef undef
                         Hoden 0.0000
                                              0.0000
                                                           undef undef
                         Lunge 0.0165
                                                           1.4909 0.6707
                                              0.0111
            Magen-Speiseroehre 0.0362
                                              0.0128
                                                           2.8338 0.3529
                Muskel-Skelett 0.0000
                                                           undef undef
                                              0.0000
20
                         Niere 0.0000
                                              0.0000
                                                           undef undef
                       Pankreas 0.0000
                                             .0.0166
                                                           0.0000 undef
                      Prostata 0.0207
                                              0.0352
                                                            0.5895 1.6963
                     T_Lymphom 0.0025
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                         Uterus 0.0030
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
25
        Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
                                              0.0000
                                                           undef undef
               Haematopoetisch 0.0027
                         Penis 0.0000
                     Samenblase 0.0915
                  Sinnesorgane 0.0118
30
                                FOETUS
                                %Haeufigkeit
                   Entwicklung 0.0000
             Gastrointenstinal 0.0278
35
                         Gehirn 0.0000
               Haematopoetisch 0.0000
                           Haut 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
             Herz-Blutgefaesse 0.0000
40
                         Lunge 0.0108
                     Nebenniere 0.0000
                          Niere 0.0000
                       Placenta 0.0000
                       Prostata 0.0000
45
                   Sinnesorgane 0.0000
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                 %Haeufigkeit
50
                          Brust 0.0000
                        Brust_t 0.0000
                     Dickdarm t 0.0000
                    Eierstock_n 0.0000
Eierstock_t 0.0253
              Endokrines_Gewebe 0.0000
55
                         Foetal 0.0023
               Gastrointestinal 0.0244
                Haematopoetisch 0.0000
                    Haut-Muskel 0.0000
60
                        Hoden n 0.0084
                        Hoden_t 0.0000
                        Lunge n 0.0293
                        Lunge_t 0.0000
                         Nerven 0.0000
65
                        Niere t 0.0000
                    Ovar_Uterus 0.0113
                     Prostata n 0.0182
                   Sinnesorgane 0.0000
         Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

```
NORMAL
                                             TUMOR
                                                          Verhaeltnisse
                               %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                 T/N
5
                     B Lymphom 0.0025
                                           0.0000
                                                          undef 0.0000
                         Blase 0.0000
                                             0.0000
                                                          undef undef
                         Brust 0.0114
                                             0.0000
                                                          undef 0.0000
                      Dickdarm 0.0000
                                             0.0000
                                                          undef undef
                     Duenndarm 0.0055
                                             0.0000
                                                          undef 0.0000
10
                     Eierstock 0.0059
                                             0.0525
                                                          0.1131 8.8401
             Endokrines_Gewebe 0.0161
                                             0.0035
                                                          4.5268 0.2209
                        Gehirn 0.0017
                                             0.0000
                                                          undef 0,0000
                          Haut 0.0073
                                                          undef 0.0000
                                             0.0000
                     Hepatisch 0.0000
                                             0.0000
                                                          undef undef
15
                          Herz 0.0071
                                             0.0000
                                                          undef 0.0000
                         Hoden 0.0000
                                             0.0000
                                                          undef undef
                         Lunge 0.0049
                                             0.0037
                                                          1.3155 0.7601
            Magen-Speiseroehre 0.0000
                                             0.0000
                                                          undef undef
                                                          undef 0.0000
                Muskel-Skelett 0.0017
                                             0.0000
20
                         Niere 0.0470
                                             0.0048
                                                          9.7491 0.1026
                      Pankreas 0.0033
                                             0.0000
                                                          undef 0.0000
                      Prostata 0.0019
                                             0.0000
                                                          undef 0.0000
                     T_Lymphom 0.0000
                                             0.0000
                                                          undef undef
                        Uterus 0.0044
                                             0.0046
                                                          0.9638 1.0375
25
        Weisse Blutkoerperchen 0.0007
                                             0.0000
                                                          undef 0.0000
               Haematopoetisch 0.0000
                         Penis 0.0080
                    Samenblase 0.0000
                  Sinnesorgane 0.0000
30
                                FOETUS
                                %Haeufigkeit
                   Entwicklung 0.0000
             Gastrointenstinal 0.0000
35
                        Gehirn 0.0000
               Haematopoetisch 0.0039
                          Haut 0.0000
                     Hepatisch 0.0000
             Herz-Blutgefaesse 0.0000
40
                         Lunge 0.0000
                    Nebenniere 0.0000
                         Niere 0.0000
                       Placenta 0.0000
                      Prostata 0.0000
45
                  Sinnesorgane 0.0000
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
50
                          Brust 0.0068
                        Brust_t 0.0000
                    Dickdarm t 0.0000
                   Eierstock_n 0.0000
                   Eierstock t 0.0000
             Endokrines_Gewebe 0.0000
55
                         Foetal 0.0000
              Gastrointestinal 0.0000
               Haematopoetisch 0.0000
                   Haut-Muskel 0.0000
60
                        Hoden n 0.0000
                        Hoden_t 0.0000
                        Lunge n 0.0000
                        Lunge_t 0.0000
                         Nerven 0.0020
65
                        Niere t 0.0000
                    Ovar_Uterus 0.0023
                     Prostata n 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
        Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

NORMAL

```
TUMOR
                                                           Verhaeltnisse
                                %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T
                                                                 T/N
5
                                                           undef 0.0000
                     B Lymphom 0.0050
                                             0.0000
                         Blase 0.0000
                                             0.0070
                                                           0.0000 undef
                         Brust 0.0026
                                             0.0014
                                                           1.8786 0.5323
                      Dickdarm 0.0000
                                                           undef undef undef undef 0.0000
                                             0.0000
                     Duenndarm 0.0055
                                             0.0000
10
                     Eierstock 0.0000
                                             0.0119
                                                           0.0000 undef
             Endokrines_Gewebe 0.0000
                                             0.0000
                                                           undef undef
                        Gehirn 0.0029
                                                           2.9013 0.3447
                                             0.0010
                          Haut 0.0000
                                             0.0394
                                                           0.0000 undef
                     Hepatisch 0.0000
                                             0.0000
                                                           undef undef
15
                                                           undef 0.0000
                          Herz 0.0030
                                              0.0000
                         Hoden 0.0040
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                         Lunge 0.0049
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
            Magen-Speiseroehre 0.0000
                                              0.0000
                                                           undef undef
                Muskel-Skelett 0.0034
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
20
                         Niere 0.0000
                                              0.0048
                                                           0.0000 undef
                      Pankreas 0.0000
                                              0.0000
                                                           undef undef
                                                           undef 0.0000
                      Prostata 0.0028
                                              0.0000
                     T_Lymphom 0.0000
                                              0.0000
                                                           undef undef
                        Uterus 0.0000
                                              0.0000
                                                           undef undef
25
        Weisse_Blutkoerperchen 0.0007
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
               Haematopoetisch 0.0000
                         Penis 0.0054
                    Samenblase 0.0000
                  Sinnesorgane 0.0000
30
                                FOETUS
                                %Haeufigkeit
                   Entwicklung 0.0000
             Gastrointenstinal 0.0000
35
                        Gehirn 0.0063
               Haematopoetisch 0.0079
                          Haut 0.0000
                     Hepatisch 0.0000
             Herz-Blutgefaesse 0.0000
40
                         Lunge 0.0000
                    Nebenniere 0.0000
                         Niere 0.0000
                       Placenta 0.0000
                       Prostata 0.0499
45
                  Sinnesorgane 0.0000
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
50
                         Brust 0.0000
                        Brust_t 0.0000
                    Dickdarm_t 0.0000
                    Eierstock_n 0.0000
                    Eierstock_t 0.0000
             Endokrines_Gewebe 0.0000
55
                        Foetal 0.0035
              Gastrointestinal 0.0000
               Haematopoetisch 0.0000
                    Haut-Muskel 0.0000
60
                        Hoden_n 0.0042
                        Hoden_t 0.0000
                        Lunge_n 0.0000
                        Lunge t 0.0000
                         Nerven 0.0010
65
                        Niere_t 0.0000
                    Ovar Uterus 0.0023
                     Prostata_n 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0000
        Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

```
NORMAL
                                              TUMOR
                                                           Verhaeltnisse
                                %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
5
                                                           undef 0.0000
                     B Lymphom 0.0025
                                              0.0000
                         Blase 0.0117
                                              0.0094
                                                           1.2446 0.8035
                         Brust 0.0088
                                                           0.3479 2.8744
                                              0.0253
                      Dickdarm 0.0192
                                              0.0028
                                                           6.7278 0.1486
                     Duenndarm 0.0192
                                              0.0213
                                                           0.9018 1.1089
10
                     Eierstock 0.0030
                                              0.0143
                                                           0.2074 4.8219
             Endokrines_Gewebe 0.0193
                                              0.0035
                                                           5.4321 0.1841
                        Gehirn 0.0081
                                                           0.3249 3.0774
                                              0.0249
                          Haut 0.0184
                                                           undef 0.0000
                                              0.0000
                     Hepatisch 0.0093
                                              0.0063
                                                           1.4649 0.6826
15
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                          Herz 0.0112
                          Hoden 0.0040
                                              0.0118
                                                           0.3393 2.9475
                         Lunge 0.0126
                                              0.0037
                                                           3.4204 0.2924
            Magen-Speiseroehre 0.0072
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                Muskel-Skelett 0.0120
                                              0.0037
                                                            3.2472 0.3080
20
                          Niere 0.0157
                                                           3.2497 0.3077
                                              0.0048
                       Pankreas 0.0050
                                              0.0110
                                                           0.4487 2.2285
                      Prostata 0.0104
                                              0.0052
                                                           1.9897 0.5026
                     T_Lymphom 0.0051
                                                           undef 0.0000
                                              0.0000
                        Uterus 0.0163
                                              0.0092
                                                           1.7670 0.5659
25
        Weisse Blutkoerperchen 0.0110
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
               Haematopoetisch 0.0027
                          Penis 0.0054
                    Samenblase 0.0000
                  Sinnesorgane 0.0000
30
                                FOETUS
                                %Haeufigkeit
                   Entwicklung 0.0139
             Gastrointenstinal 0.0056
35
                        Gehirn 0.0063
               Haematopoetisch 0.0000
                          Haut 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
             Herz-Blutgefaesse 0.0036
40
                          Lunge 0.0036
                    Nebenniere 0.0000
                          Niere 0.0124
                       Placenta 0.0121
                       Prostata 0.0000
45
                   Sinnesorgane 0.0000
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
50
                          Brust 0.0000
                        Brust_t 0.0000
                    Dickdarm t 0.0000
                    Eierstock n 0.0000
                    Eierstock_t 0.0051
55
              Endokrines Gewebe 0.0000
                         Foetal 0.0023
               Gastrointestinal 0.0122
               Haematopoetisch 0.0257
Haut-Muskel 0.0032
60
                        Hoden n 0.0000
                        Hoden_t 0.0000
                        Lunge_n 0.0000
                        Lunge t 0.0000
                         Nerven 0.0010
65
                        Niere t 0.0000
                    Ovar Uterus 0.0023
                     Prostata_n 0.0243
                   Sinnesorgane 0.0000
        Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	B_Lymphom		0.0000	undef 0.0000
		0.0156	0.0047	3.3190 0.3013
		0.0079	0.0014	5.6359 0.1774
	Dickdarm		0.0057	1.6820 0.5945
	Duenndarm		0.0000	undef undef
10	Eierstock		0.0191	0.1555 6.4291
	Endokrines_Gewebe		0.0018	3.6214 0.2761
	Gehirn	0.0058	0.0060	0.9671 1.0340
	Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000 undef
15		0.0091	0.0000	undef 0.0000
	-	0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0068	0.0037	1.8417 0.5430
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0064	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0111	0.3093 3.2335
20	Niere	0.0045	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479 1.3371
	Prostata	0.0057	0.0117	0.4823 2.0732
	T Lymphom		0.0000	undef 0.0000
	Uterus		0.0092	0.48192.0750
25	Weisse Blutkoerperchen		0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch		0.000	under 0.000
	•	0.0188		
	Samenblase			
30	Sinnesorgane	0.0116		
30		PORMIC		
		FOETUS		
	Paradalia in ann	%Haeufigkeit		
	Entwicklung			
26	Gastrointenstinal			
35		0.0000		٠.
	Haematopoetisch			
		0.0000		
	Hepatisch			
40	Herz-Blutgefaesse			
40	-	0.0036		
	Nebenniere			
		0.0000		
	Placenta			
	Prostata	0.0000		`
45	Sinnesorgane	0.0000		
			BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
••	•	%Haeufigkeit		
50	Brust	0.0000		
	. Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock t	0.0152		
55	Endokrines Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0006		
	Gastrointestinal	0.0000		•
	Haematopoetisch			
	Haut-Muskel			
60		0.0000		
	Hoden t			
		0.0000		
		0.0000		
		0.0020		
65		0.0020		
05				
	Ovar_Uterus			
	Prostata_n			
	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000		

```
NORMAL
                                              TUMOR
                                                           Verhaeltnisse
                                %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
5
                     B Lymphom 0.0075
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                         Blase 0.0156
                                              0.0047
                                                           3.3190 0.3013
                         Brust 0.0167
                                              0.0197
                                                           0.8499 1.1767
                      Dickdarm 0.0307
                                              0.0199
                                                           1.5378 0.6503
                     Duenndarm 0.0082
                                              0.0213
                                                           0.3865 2.5875
10
                     Eierstock 0.0059
                                              0.0334
                                                           0.1778 5.6255
             Endokrines Gewebe 0.0321
                                              0.0248
                                                           1.2934 0.7732
                         Gehirn 0.0365
                                              0.0170
                                                           2.1504 0.4650
                          Haut 0.0257
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                     Hepatisch 0.0000
                                              0.0127
                                                           0.0000 undef
15
                          Herz 0.0426
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                          Hoden 0.0161
                                              0.0118
                                                           1.3571 0.7369
                         Lunge 0.0272
                                              0.0222
                                                           1.2278 0.8144
            Magen-Speiseroehre 0.0072
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
                Muskel-Skelett 0.0137
                                              0.0074
                                                           1.8555 0.5389
20
                         Niere 0.0246
                                              0.0145
                                                           1.7022 0.5875
                       Pankreas 0.0050
                                                           undef 0.0000
                                              0.0000
                       Prostata 0.0179
                                              0.0065
                                                           2.7494 0.3637
                     T_Lymphom 0.0177
                                              0.0672
                                                           0.2630 3.8026
                        Uterus 0.0118
                                              0.0046
                                                           2.5703 0.3891
25
        Weisse_Blutkoerperchen 0.0219
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
               Haematopoetisch 0.0147
                          Penis 0.0188
                    Samenblase 0.0281
                  Sinnesorgane 0.0000
30
                                FOETUS
                                %Haeufigkeit
                   Entwicklung 0.0000
             Gastrointenstinal 0.0167
35
                         Gehirn 0.0188
               Haematopoetisch 0.0079
                          Haut 0.0000
                     Hepatisch 0.0000
             Herz-Blutgefaesse 0.0356
40
                          Lunge 0.0108
                    Nebenniere 0.0254
                         Niere 0.0124
                       Placenta 0.0182
                       Prostata 0.0249
45
                   Sinnesorgane 0.0000
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
50
                          Brust 0.0068
                        Brust_t 0.0000
                   Dickdarm_t 0.0000
Eierstock_n 0.1595
                   Eierstock t 0.0000
55
             Endokrines_Gewebe 0.0000
                         Foetal 0.0110
               Gastrointestinal 0.0122
               Haematopoetisch 0.0000
                   Haut-Muskel 0.0227
60
                        Hoden_n 0.0125
                        Hoden t 0.0000
                        Lunge_n 0.0195
                        Lunge_t 0.0000
                        Nerven 0.0281
65
                        Niere_t 0.0000
                    Ovar Uterus 0.0068
                     Prostata n 0.0061
                   Sinnesorgane 0.0232
        Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

```
NORMAL
                                              TUMOR
                                                           Verhaeltnisse
                                % Haeufigkeit % Haeufigkeit N/T T/N
5
                     B Lymphom 0.0125
                                              0.0407
                                                           0.3066 3.2617
                          Blase 0.0117
                                              0.0164
                                                           0.7112 1.4061
                          Brust 0.0123
                                              0.0098
                                                           1.2524 0.7985
                       Dickdarm 0.0057
                                              0.0057
                                                           1.0092 0.9909
                     Duenndarm 0.0165
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
10
                     Eierstock 0.0030
                                              0.0143
                                                            0.2074 4.8219
             Endokrines Gewebe 0.0096
                                                           0.4938 2.0250
                                              0.0195
                        Gehirn 0.0122
                                              0.0070
                                                            1.7408 0.5745
                           Haut 0.0110
                                              0.0000
                                                           undef 0.0000
undef 0.0000
                     Hepatisch 0.0093
                                              0.0000
15
                          Herz 0.0071
                                              0.0137
                                                            0.5169 1.9347
                          Hoden 0.0201
                                              0.0059
                                                            3.3928 0.2947
                          Lunge 0.0117
                                              0.0148
                                                            0.7893 1.2669
            Magen-Speiseroehre 0.0072
                                                            0.2267 4.4110
                                              0.0320
                Muskel-Skelett 0.0086
                                              0.0000
                                                            undef 0.0000
20
                          Niere 0.0045
                                              0.0096
                                                            0.4642 2.1540
                       Pankreas 0.0017
                                              0.0055
                                                            0.2992 3.3427
                       Prostata 0.0066
                                              0.0117
                                                            0.5627 1.7770
                      T_Lymphom 0.0126
                                              0.0149
                                                            0.8453 1.1830
                         Uterus 0.0059
                                              0.0322
                                                            0.1836 5.4469
25
        Weisse Blutkoerperchen 0.0062
                                              0.0304
                                                            0.2029 4.9287
               Haematopoetisch 0.0107
                          Penis 0.0000
                     Samenblase 0.0141
                  Sinnesorgane 0.0235
30
                                FOETUS
                                %Haeufigkeit
                   Entwicklung 0.0000
             Gastrointenstinal 0.0111
35
                         Gehirn 0.0250
               Haematopoetisch 0.0118
                           Haut 0.0000
                      Hepatisch 0.0000
             Herz-Blutgefaesse 0.0071
40
                          Lunge 0.0036
                     Nebenniere 0.0000
                          Niere 0.0124
                       Placenta 0.0061
                       Prostata 0.0000
45
                   Sinnesorgane 0.0000
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                 %Haeufigkeit
50
                          Brust 0.0000
                        Brust_t 0.0000
                    Dickdarm_t 0.0000
                    Eierstock_n 0.0000
                    Eierstock t 0.0152
55
              Endokrines_Gewebe 0.0000
                         Foetal 0.0220
               Gastrointestinal 0.0000
               Haematopoetisch 0.0000
                    Haut-Muskel 0.0421
60
                        Hoden n 0.0000
                        Hoden_t 0.0000
                        Lunge n 0.0000
                        Lunge_t 0.0000
                         Nerven 0.0211
                        Niere_t 0.0000
65
                    Ovar_Uterus 0.0248
                     Prostata_n 0.0000
                   Sinnesorgane 0.0232
```

Weisse Blutkoerperchen 0.0000

```
NORMAL
                                             TUMOR
                                                           Verhaeltnisse
                                %Haeufigkeit %Haeufigkeit N/T T/N
5
                     B_Lymphom 0.0025
                                             0.0136
                                                           0.1840 5.4361
                         Blase 0.0039
                                             0.0117
                                                           0.3319 3.0130
                                             0.0070
                         Brust 0.0246
                                                           3.5068 0.2852
                      Dickdarm 0.0287
                                             0.0399
                                                           0.7208 1.3873
                     Duenndarm 0.0082
                                             0.0426
                                                           0.1932 5.1750
10
                     Eierstock 0.0148
                                             0.0381
                                                           0.3889 2.5717
             Endokrines_Gewebe 0.0161
                                             0.0266
                                                           0.6036 1.6568
                                             0.0130
                        Gehirn 0.0220
                                                           1.6961 0.5896
                          Haut 0.0110
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
                     Hepatisch 0.0000
                                             0.0381
                                                           0.0000 undef
15
                          Herz 0.0132
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
                         Hoden 0.0040
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
                         Lunge 0.0214
                                                           1.6538 0.6047
                                             0.0129
            Magen-Speiseroehre 0.0000
                                             0.0064
                                                           0.0000 undef
                Muskel-Skelett 0.0069
                                             0.0000
                                                           undef 0.0000
20
                         Niere 0.0134
                                             0.0193
                                                           0.6964 1.4360
                      Pankreas 0.0264
                                             0.0276
                                                           0.95731.0446
                      Prostata 0.0075
                                             0.0104
                                                           0.7235 1.3821
                     T_Lymphom 0.0227
                                             0.0373
                                                           0.60861.6431
                        Uterus 0.0059
                                             0.0138
                                                           0.4284 2.3344
25
        Weisse_Blutkoerperchen 0.0082
                                             0.0607
                                                           0.1353 7.3931
               Haematopoetisch 0.0053
                         Penis 0.0161
                    Samenblase 0.0141
                  Sinnesorgane 0.0000
30
                                FOETUS
                                %Haeufiqkeit
                   Entwicklung 0.0278
             Gastrointenstinal 0.0056
35
                        Gehirn 0.0375
               Haematopoetisch 0.0039
                          Haut 0.0000
                     Hepatisch 0.0000
             Herz-Blutgefaesse 0.0142
40
                         Lunge 0.0036
                    Nebenniere 0.0254
                         Niere 0.0124
                      Placenta 0.0061
                      Prostata 0.0499
45
                  Sinnesorgane 0.0000
                                NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
                                %Haeufigkeit
50
                         Brust 0.0136
                       Brust t 0.0000
                    Dickdarm_t 0.0000
                   Eierstock n 0.0000
                   Eierstock t 0.0000
55
             Endokrines_Gewebe 0.0000
                         Foetal 0.0052
              Gastrointestinal 0.0244
               Haematopoetisch 0.0000
                   Haut-Muskel 0.0000
60
                        Hoden_n 0.0000
                        Hoden_t 0.0000
                        Lunge_n 0.0195
                        Lunge_t 0.0000
                        Nerven 0.0121
65
                        Niere_t 0.0000
                    Ovar Uterus 0.0000
                     Prostata n 0.0061
                   Sinnesorgane 0.0000
        Weisse_Blutkoerperchen 0.0000
```

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	
5	B_Lymphom		0.0000	undef 0.0000
		0.0078	0.0188	0.4149 2.4104
		0.0079	0.0112	0.7045 1.4195
	Dickdarm		0.0057	0.3364 2.9727
•	Duenndarm		0.0000	undef 0.0000
10	Eierstock		0.0215	0.1383 7.2328
	Endokrines_Gewebe		0.0053	1.5089 0.6627
	Gehirn		0.0070	0.5803 1.7234
		0.0147	0.0000	undef 0.0000
1.5	Hepatisch		0.0000	undef 0.0000
15		0.0203	0.0000	undef 0.0000
		0.0000	0.0355	0.0000 undef
	_	0.0039	0.0111	0.3508 2.8506
	Magen-Speiseroehre Muskel-Skelett		0.0128	1.1335 0.8822
20			0.0074	1.6236 0.6159
20		0.0000	0.0048	0.0000 undef
	Pankreas		0.0276	0.0000 undef
	Prostata		0.0065	1.3023 0.7679
	T_Lymphom		0.0149	2.0287 0.4929
25		0.0133	0.0092	1.4458 0.6917
25	Weisse_Blutkoerperchen		0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch			
		0.0054		
	Samenblase			
20	Sinnesorgane	0.0118		
30		EQE4116		
		FOETUS %Haeufigkeit		
	Entwicklung	-		
	Gastrointenstinal			
35		0.0028		
55	Haematopoetisch			
		0.0000		`
	Hepatisch			
	Herz-Blutgefaesse			
40	-	0.0145		
	Nebenniere			
		0.0124		
	Placenta			
	Prostata			
45	Sinnesorgane			•
	,			
		NORMIERTE/SU	BTRAHIERTE BI	BLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit		
50	Brust	0.0068		
	Brust t	0.0000		
	Dickdarm_t			
	Eierstock n			
	Eierstock t	0.0152		
55 1	Endokrines_Gewebe	0.0245		
		0.0023		
	Gastrointestinal	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		•
	Haut-Muskel			
60	Hoden n			
		0.0000		
		0.0098		
		0.0000		
	Nerven	0.0060		
65		0.0000		
	Ovar_Uterus			
	Prostata_n			
	Sinnesorgane			
	Weisse_Blutkoerpercher			

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schnitt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

15

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

20

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schntten:

- 1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
- 2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).

30

45

50

25

3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i: Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H₀ Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkritenum II).

Im Fall des Abbruchknteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Ovartumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

PCT/DE99/01087

Beispiel 4

10

20

35

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville, Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzellinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzellinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "Mapview" - Programms der Genome Database (GDB), (http://qdbwww.dkfz-heidelberg.de) bestimmt. Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Cromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sonder ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html) einschließt. Analog zu der Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes

(http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl).

Beispiel 5

Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)

Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone (http://www.tree.caltech.edu/; Shizuya, H., B. Birren, U-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak. Y. Tachiin, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom) in ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer 10 spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit 15 die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest. Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen

BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.

Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

20

Seq. ID Nr.		Identifizier	te BACs		
4	195/N/3	206/P/3	384/1/3	323/G/9	
5	222/B/10	404/E/10	526/F/20	565/P/11	279/F/14
9	501/L/21				
11	490/P/4	321/1/23	410/F/5	443/N/20	
19	311/A/19	505/F/17	216/D/8	219/C/22	
29 :	382/N/10	539/L/7			
31	530/D/11			•	
35	503/N/10				
37	547/D/16	215/P/16	439/K/6		
39	216/L/9	512/F/5	203/J/15		
45	205/K/7	250/H/22	283/C/17	528/B/20	402/L/11
80	371/A/20	470/L/3	495/L/3		
92	254/M/9	376/O/12	421/L/18	429/J/19	,
112	243/0/14	520/K/15	565/J/17	565/J/24	
	1				

Sec ID	Seo ID Expression	Funktion	Module		nearest marker
) 				Lokalisation	
_	in Ovartumorgewebe	unbekannt		1p31.1-p34.1	SHGC-2542,2540,2456; D1S448- D1S500:: WI-6555; D1S198-D1S462
	uberexprimien				0.0000; MI-0000; 0.10100 0.1010
2	in Ovartumorgewebe	unbekannt		ZpZZ.3-pZ3.3	SGC3Z173; DZS174-DZS39U;; 11GR-
	überexprimiert				AU00124, U23332-U23330
က	in Ovartumorgewebe	unbekannt		4p15.1	WI-15951 (D4S1043-SHGC-16179)
	überexprimiert			-	
4	in Ovartumorgewebe	P52rIPK		11q13.5 - q14.1	11q13.5 - q14.1 (SHGC-31396 (SHGC-32287, D11S4681)
	überexprimiert				
5	in Ovartumorgewebe unbekanr	unbekannt		1922	SHGC-31641
	überexprimiert			П	
9	in Ovartumorgewebe unbekann	unbekannt		13q33.1 - q34	AFM310yd5
	überexprimiert			П	
7	in Ovartumorgewebe	unbekannt		8q11.23-q12.1	SHGC-32002; D8S1828-D8S507
	überexprimiert				
æ	in Ovartumorgewebe	unbekannt		4924	SHGC-36699
	überexprimiert				
6	ewebe	unbekannt	PRO_RICH	2d35	SHGH-32531 (D2S1297, SHGC-35278)
	überexprimiert				
5	ewebe	unbekannt	PHO		
	überexprimiert				
12	in Ovartumorgewebe unbekann	unbekannt		5q23.3-q31.1	AFM200ya9=D5S414
	überexprimiert				
13	in Ovartumorgewebe unbekann	unbekannt		3p23	WI-6841;D3S1599-D3S1583
	überexprimiert				
15	ewebe	unbekannt		6q22.1-q24.3	SHGC-33316; D6S453-D6S311
	überexprimiert				
16	ewebe	unbekannt	NLS_BP	10p15.3	CDa1hh03; D10S533-D10S594;; SHGC-14842: D40SE8-D40SE94
	überexprimiert			1	11012, 0103330-0103331
18	in Ovartumorgewebe unbekann	unbekannt	Ribosomal_L24e	15q21.3-q22.1	Cda17g12; D15S209-D15S198
	überexprimiert				
19	in Ovartumorgewebe unbekann	unbekannt		11q14.3	SHGC-36010 (D11S1979, D11S1887)
	überexprimiert				

TABELLE

Seq ID No.	Seq ID Expression No.	Funktion	Module	0	nearest marker
20	in Ovartumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3q22.2-3q22.3	SHGC-34629 (SHGC-30855, SGC32794)
21	in Ovartumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3q26,33-q29	AFM308yf1 (D3S2363, D3S3669)
22	in Ovartumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7q11.23	SHGC-37054
23	in Ovartumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
24	in Ovartumorgewebe überexprimiert	unbekannt	·	4q28.1-q31.1	WI-30941;SGC30941; D4S1580-D4S427
25	eqeme	Branchio-oto-renal syndrome candidate gene		7q32.3-q33	AFMc024we9
26	ewebe	unbekannt	NLS_BP	17q23.3	SHGC-64257
27	in Ovartumorgewebe überexprimiert	unbekannt		17p12-p13.2	SHGC-31370 (SHGC-35547-SHGC- 35513)
28	in Ovartumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q22.3	Cda0wf11, TIGR-A001X23;D10S607- D10S201
29	ewebe	unbekannt		?-q13.5	WI-14303; D11S4136-D11S1314;; TIGR- A005U01; D11S913- D11S1314/RH:SHGC-14407
30	in Ovartumorgewebe unbekann überexprimiert	unbekannt		7p21.3	SHGC-14339
31	eqeme	unbekannt		12p12.3	AFMb320va9
32	ewebe	Partielles Homolog zu R. norvegicus calpain		1941	SHGC-3992 (D1S2550-D1S2568)
33	ewebe	Partiell Homolog zu Human mRNA for fungal sterol-C5-desaturase homolog	iin	11q23.3	WI-19895; D11S924-D11S925
34	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Partiell homolog zu Human GPx-3 mRNA for plasma glutathione peroxidas	GSHPx	5q33.1	SHGC-10972
35	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Partiell Homolog zu Homo sapiens CHD2 mRNA		19q13.13 - q13.2	AFMb018wh1

nearest marker		stSG31094; D2S292-D2S145	AFM205yf10 (D19S1080, D19S590)			BDa16f11; D8S549-D8S1733 bzw.S280		1p36.31-p36.13 SHGC-11461 (D1S2565, SGC32561)	SHGC-1349 (D12S1621/D12S1805)	SHGC-30173; D19S418-qTEL	D2S388-D2S2181	SHGC-167+SHGC-11466; D10S551- D10S532	stSG2963; DXS1059-DXS1047
Cytogenetische Lokalisation		2p13.1- p16.1;RH: 2p13.1-p13.3	19q12 ·	17		8p22-p23.3		1p36.31-p36.13	12p11.21- p11.23	19q13.33-qter	2p11.1-p11.2	10q23.1	Xq22.3-Xq25
Module	WW_rsp5_WWP			Sec1	kazal		oxidored_q1_N				PRO_RICH	UPF0005	PRO_RICH
Funktion	Humanes Homolog zu M. musculus WWV_rsp5_WWP formin binding protein 21	Humanes Homolog zu Tribolium castaneum zinc finger protein	Humanes Homolog zu S; cerevisiae chromosome il sequence for ORF YBR1725	SI	Humanes Homolog zu PEC- 60=gastrointestinal peptide, swine	Humanes Homolog zu Mus musculus mCAF1 protein	ouse nidentified	Humanes Homolog zu Mouse kidney androgen-regulated protein (KAP)	Humanes Homolog zu M. musculus Tera	anes Homolog zu orhabditis elegans cosmid 7	es Homolog zu habditis elegans cosmid	es Homolog zu habditis elegans cosmid 2	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid C43E11
Seq ID Expression No.	in Ovartumorgewebe überexprimiert	in Ovartumorgewebe überexprimiert	in Ovartumorgewebe überexprimiert	in Ovartumorgewebe überexprimiert	ewebe	ewebe	in Ovartumorgewebe überexprimiert	in Ovartumorgewebe überexprimlert	in Ovartumorgewebe überexprimiert	ewepe	in Ovartumorgewebe überexprimiert	In Ovartumorgewebe überexprimiert	in Ovartumorgewebe überexprimiert
Seq ID No.	36	38	36	04	14	42	£3	44	45	46	47	48	49

_	Seq ID Expression No.		Module	Cytogenetische Lokalisation	ניפּמוֹ סאר ווומוּ אמוּ	
	rgewebe art	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid C40H1		1922	WI-7155	
	in Ovartumorgewebe überexprimiert	in Ovartumorgewebe Humanes Homolog zu C. elegans überexprimiert cosmid K02D10		7p11.2-p12.3	Cda1bc08;D7S506-D7S499;; SHGC- 17265+11581;D7S499-D7S2429	
	ewebe		Pyrophosphatase	3q26.1	SHGC-9372	
	ewebe			3q13.12-q13.2	D3S1310-D3S1575	
	in Ovartumorgewebe überexprimiert			20q13.33	SHGC-11512	138
	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Aplysia californica vesicle-associated membrane proteln/synaptobrevin binding proteln	PRO_RICH; MSP_DOMAIN	15q25.3- 15q26.1	SHGC-69080 (D15S202/D15S1046, D15S1178)	
1	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog des R. norvegicus intestinal epithelium proliferating cell-associated mRNA sequence	PRO_RICH	1p32.2-p31.2	SGC34409	
1		Homolog zu kinase	rrm; PRO_RICH	10q21.1 -q22 .1	WI-11265; D10S581-D10S210	
I	ewebe	dbpB-like protein	CSD; PRO_RICH	15q25.3- 15q26.1	AFM282wg5=D15S202 (D15S1046;D15S1187)	
1	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Tyrosine 3- monooxygenase/tryptophan 5- monooxygenase activation protein	PRO_RICH	2p25.2-p25.1		
T	in Ovartumorgewebe überexprimlert	Protease, serine, 2 (trypsin 2)	trypsin	7q35	SHGC-16894	
	ewebe	Humanes Annexin IV	annexin	2p13.1-p16.1	SHGC-9858	
	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human X2 box repressor		16q12.1-q22.1	WI-6174; D16S408- D16S3089;;Cda01g10; D16S419- D16S415	

Seq ID No.	Seq ID Expression No.	Funktion	Module	netische ation	nearest marker
89	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human transcriptional coactivator PC4		5p15.1	SGC32812; D5S477-D5S651
69	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human tetratricopeptide repeat protein		5q33.2-q33.3	TIGR-A002Q13; D5S412-D5S422
70	in Ovartumorgewebe überexprimiert			7p14.1-p21.3	SGC31789; D7S516-D7S632
72	in Ovartumorgewebe überexprimiert				
73	in Ovartumorgewebe überexprimlert	Human profilin	profilin	17p13.3	
74	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human pepsinogen C	asp		SGC35331; D6S426-D6S271
92	ewebe	Human osteopontin	Osteopontin	22.1	SHGC-9669; D4S1542-D4S1544
78	ewebe	Human non-histone chromosomal protein	HMG14_17	21q22.3	
79	ewebe	Human mRNA for protein disulfide isomerase-related protein P5	thiored	2p23.3-p24.1	SGC31703; D2S287-D2S131;; stSG1958; D2S162-D2S287
80	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human m		3p21.1	SHGC-14798 (D3S4210, SHGC-11985)
81	in Ovartumorgewebe Human m überexprimiert	RNA for KIAA0078	PRO_RICH		SHGC-9647; D7S651-D7S477;;WI- 14191;D8S269-D8S1799 +2 weltere auf Chr.8
82	in Ovartumorgewebe Human m überexprimiert shock pro	RNA for 90-kDa heat- tein	HSP90	4, 11, 1, 6	SHGC-11305
83	ewebe				SHGC-3183
48	ewebe	Human Ku (p70/p80) subunit		2q34-q35	SHGC-11966; D2S2382-D2S164;; WI- 8140; D2S143-D2S164
85	In Ovartumorgewebe überexprimiert		ubiquitin	1p36.31-p36.32	
98	in Ovartumorgewebe überexprimiert	for 71 kd heat sin	HSP70	11q23.3-q25	D20S113-D20S97
88	ewebe			19p13.13	SHGC-32638; D19S899-D19S407

Seq ID No.	Seq ID Expression No.	Funktion	Module	Cytogenetiscne Lokalisation	nearest marker
68	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human fatty acid binding protein homologue (PA-FABP)		17p11.2	SHGC-9883
90	in Ovartumorgewebe überexprimiert		ER	14q22.3-q24.2	WI-8921; D14S63-D14S251
91	in Ovartumorgewebe überexprimiert	+		7q21.3-q22.1	D5S1977-D5S428 (Hs.85215)
92	in Ovartumorgewebe überexprimiert	in Ovartumorgewebe Human decay-accelerating factor überexprimiert		1q32.2	SHGC-11228
93	in Ovartumorgewebe überexprimiert	in Ovartumorgewebe Human chromosome segregation überexprimiert	IBN_NT	20q13	
94	in Ovartumorgewebe überexprimiert	in Ovartumorgewebe Human carcinoma-associated überexprimiert antigen GA733-2, Human epithelial glycoprotein (EGP)	thyroglobulin_1	2p15-p21	AA113218; D2S119-D2S337
95	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human calmodulin	EF_HAND_2	2p16.3-p21	WI-9106; D2S391-D2S123
96	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human Bax alpha	Bcl-2		
97	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Human antileukoprotease (ALP)	мар	3-q13.2	WI-6969 (D20S880, SGC34003)
86	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens UDP-galactose-4- epimerase	3Beta_HSD	1p36.11	SHGC-11459 (RH420-D1S3295)
66	ewepe	Homo sapiens mRNA for putative progesterone binding protein		4q31.1	SHGC4-275
100	ewebe	Homo sapiens mRNA for galectin-3	Gal-bind_lectin	14q12-q <u>2</u> 2.3	D14S276-D14S66
101	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens monocyte/macrophage Ig-related receptor MIR-7 (MIR cl-7)	7tm_1; G_PROTEIN_RECEPT OR_2; PRO_RICH	12q14.2-q14.3	SHGC-33073
102	in Ovartumorgewebe überexprimiert	iens Kunitz-type protease		19q13.2	TIGR-A007F08; D19S421-D19S408
103	ewebe	Homo sapiens hCPE-R mRNA for CPE-receptor		7q11.23	
105	ewebe	s DNA for amyloid lein	Kunitz_BPT	1.2-q22.11	WI-8962; D21S265-D21S260
106	in Ovartumorgewebe Homo sap überexprimiert transducer	Homo sapiens CD24 signal transducer		6p21	AFM115xh2; SHGC-13799 - SHGC- 32498

Seq ID No.	Seq ID Expression No.	Funktion	Module	netische ation	nearest marker
107	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Homo saplens Arp2/3 protein complex subunit p16-Arc (ARC16)		1q31.1	SHGC-58249(D1S2602/WI-2775,WI- 7265)
108	in Ovartumorgewebe überexprimiert		histone; Archael_histone 6p21.2-p21.31	6p21.2-p21.31	WI-11733; D6S276-D6S439
110	in Ovartumorgewebe überexprimiert		sushi	1q32.1-q32.2	SHGC-12033; D1S456-D1S2891
111	in Ovartumorgewebe überexprimiert	H.sapiens TROP-2 gene	thyroglobulin_1	1p32.2-p32.3	SHGC-12661; D1S476-D1S220
112	in Ovartumorgewebe überexprimiert	H.sapiens mRNA for Icln protein		11914.1	SHGC-31540; D11S4179-D11S937;; SGC31540; D11D911-D11S1352
113	in Ovartumorgewebe überexprimiert	H.sapiens mRNA for BiP protein	HSP70; PRO_RICH		WI-6005; D9S282-D9S260
114	in Ovartumorgewebe überexprimiert	H.sapiens HE4 mRNA for extracellular proteinase inhibitor homologue	мар	3.2-q13.13	SGC30446; D20S119-D20S197;;WI- 30446
115	in Ovartumorgewebe überexprimiert	H.sapiens for neutrophil gelatinase associated lipocalin	lipocalin	9q34	
116	in Ovartumorgewebe überexprimiert			18q21.1	SHGC-8871 (D18S484;D18S851)
117	ewebe	H. sapiens for glutathione peroxidase-Gl	BP; GSHPx		
120	өдөма	CDC28 protein kinase 2		9q21.31-q22.1	SHGC-11955; D9S1812-D9S283;; SGC31294; D9S153-D9S264
121	in Ovartumorgewebe überexprimiert	B-factor, properdin	VWA_DOMAIN; TRYPSIN_CATAL; sushi; trypsin		DXS255-DXS426
122	in Ovartumorgewebe Annexin II überexprimiert		annexin	15q22.1-q22.31	15q22.1-q22.31 WI-8600+WI-9161; D15S198-D15S159
123		ADP-ribosylation factor like 1	arf	12q22-q23.1	SHGC-12629; D12S1727-D12S78;; WI- 7420; D12S346-D12S78
258	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 2			
259	In Ovartumorgewebe Verlängen überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 3			•

TABELLE II

Seq ID No.	ORF Seq ID No.							
1	124	125	126	127	128	129		
2	130	131						
3	132							
4	133	`134						
5	135							
6	136	137		•				
7	138	139						
8	140	141						
9	142	143						
10	144	145						
12	148	149						
13	150	151	152	153				
15	155	156	157					
16	158	159	160					
18	163	164						
19	165							
20	166	167				-		
21	168	169						
2 2	170	171	172					
23	173	174						
24	175	176						
25	177	178						
26	179	., 0						
27	180	181						
28	182	183	184					
29	185	186	.04					
30	187	188						
31	189	-190	191			•		
32	192	193	194	195	196			
33	197	198	199	.00				
34	200	201			,			
35	202	203	2 04					
36	205	206	207	208				
38	210	211		200				
39	212	213	214	215				
40	216		_	2.0				
41	217	218						
42	219	220	2 21					
43	222	223	224	225				
44	226	227						
45	228	229	2 30	2 31	232			
46	233	234	235	201	202			
47	236	237	238					
48	239	240	_00					
49	241	242						
50	243	244	245					
51	306	307						
52	246	001						
53	247	248	249					
54	250	2 5 0	273					
5 4	1 250	201						

Seq ID No.		ORF Seq ID No.					
55	252	253	254				
56	255	256					
57	257						
258	274	275					
259	276	277					
260	278	279					
261	280	281					
262	282	283					
263	284	285					
264	286	287					
265	288	289					
266	290	291					
267	292	293					
268	294	295					
269	296	297					
270	298	299					
271	300	301					
272	302	303					
273	304	305					

Die erfindenschen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll

- (1) ALLGEMEINE INFORMATION:
- 5 (i) ANMELDER:
 - (A) NAME: metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH
 - (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
 - (C) STADT: Berlin
 - (E) LAND: Deutschland
- 10 (F) POST CODE (ZIP): D-14195
 - (G) TELEFON: (030)-8413 1673
 - (H) TELEFAX: (030)-8413 1674

15

25

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschlich

Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus

Ovartumorgewebe

- 20 (iii) Anzahl der Sequenzen: 284
 - (iv) COMPUTER READABLE FORM:
 - (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
 - (B) COMPUTER: IBM PC compatible
 - (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
 - (D) SOFTWARE: Patentln Release #1.0, Version #1.25 (EPO)
 - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:
- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2434 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

35

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 45 (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```
cgggatttta cccggtttaa aaagcgaacc ttctcccggc tacacccgaa ggtacccaaa 60
     tatgggtagg tccggttttc caacttggca aacgtatggg gaagcccggg gatggcttcc 120
     ataaatttto cagoggatta tggcattoot tocaggaaat acotottggt aaaggootgo 180
     ttgcaaatat gcatttccaa acttgaaata taggtgtgaa cagtgtgtac cagtttaaag 240
     ctttcacttc atttgtgttt tttaattaag gatttagaag ttcccccaat tacaaactgg 300
     ttttaaatat tggacatact ggttttaata cctgctttgc atattcacac atggtcaact 360
     gggacatgtt aaactttgat ttgtcaaatt ttatgctgtg tggaatacta actatatgta 420
     ttttaactta gttttaatat tttcattttt ggggaaaaat cttttttcac ttctcatgat 480
     agctgttata tatatatgct aaatctttat atacagaaat atcagtactt gaacaaattc 540
10
     aaagcacatt tggtttatta accettgete ettgeatgge teattaggtt caaattataa 600
     ctgatttaca ttttcagcta tatttacttt ttaaatgctt gagtttccca ttttaaaatc 660
     taaactagac atcttaattg gtgaaagttg tttaaactac ttattgttgg taggcacatc 720
     gtgtcaagtg aagtagtttt ataggtatgg gttttttctc ccccttcacc agggtgggtg 780
     gaataagttg atttggccaa tgtgtaatat ttaaactgtt ctgtaaaata agtgtctggc 840
15
     catttggtat gatttctgtg tgtgaaaggt cccaaaatca aaatggtaca tccataatca 900
     qccaccattt aaccetteet tgttetaaaa caaaaaccaa agggegetgg ttggtagggt 960
     gaggtggggg agtattttaa tttttggaat ttgggaagca gacagcttta ctttgtaaqq1020
     ttggaacagc agcactatac atgaaatata aaccaaaaac ctttactgtt tctaaatttc1080
     ctagattgct attatttggt tgtaagttga gtattccaca gaaagtggta attatctctt1140
20
     ctctcttcct ccattagaaa attaggtaaa taatggattc ctataatggg agcatcaccal200
     cttattaaaa cacacataga atgatgaatt aaaaaagttt tctaggattg tcttttattc1260
     acgtcatttt tagaaatgtt ctacctgtat atggtaatgt ccagttttaa aaatattgga1380
     catcttcaat cttaaacatt tctatttagc tgattggttc tcacatatac ttctaaaaga1440
25
     aacttttatg ttataagagt tactttttgg ataagattta ttaatctcag ttacctacta1500
     ttctgacatt ttaggaagga ggtaattgtt tttaatgatg gataaacttg tgctggtgtt1560
     ttggatctta tgatgctgag catgttctgc actggtgcta atgtctaata taattttata1620
     tttacacaca tacgtgctac ccagagatta atttagtcca tatgaactat tgacccattg1680
     ttcattgaga cagcaacata cgcactccta aatcagtgtg tttagacttt tcaagtatct1740
30
     aactcatttc caaacatgta ccatgtttta taaacctctt gatttccagc aacatactat1800
     agaaaacacc tgctactcaa aacacaactt ctcagtgtca tccattgctg tcgtgagaga1860
     caacatagca atatctggta tgttgcaagc tttcaagata gcctgaactt aaaaagttgg1920
     tgcattagtt gtatctgatg gatataaatt tgcctcctag ttcactttgt gtcaagagct1980
     aaaactgtga acctaacttt ctcttattgg tgggtaataa ctgaaaataa agatttattt2040
35
     tcatgctcac ttcttaaaag tcataaaaac aatcaaatag gatcatgttt attgtcatgt2100
     gtttcctggt ttctgacctg tgtgcacacc cctgtgtgtt tataattttt aaattgaatt2160
     ttatatgggg tttttatttg ctaaaaacca ggctgttgaa tcacatttgg gaagggtact2220
     tatcttaatg actaatgact taattgggaa agttgaattc ttgtaaaata caaaatccaa2280
     ggacttcttg ggatttaatc taattgtcac ttcgttaggc agatgcactt ttttgqataa2340
40
     tggaaagtta agcataccga atgctacttt tggttgacaa acgggcctaa tagtccgggg2400
     ggaaatccct aacgggtaag ggtcccaagt atgg
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 798 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

50

45

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

```
gcctatattg gaagcagaca gcgatactga tgacattgac cacagagtta cagaggaaag 60
     ccatgaagag ccagcattcc agaattttat gcaagaatcg atggcacaat actggaagag120
     aaacaataaa taggagactt tagcacactt cacttgtttc tagaagtcca gaattttgga180
10
     cctccacgtg aaagaactgt tcttacctct gaactggggg ctcccataag ggataatttt240
     cctcagagta gcaaagtttc tcttattaga gaaatcttgt gactcagatg aagtcaggga300
     tagaagaccc ttggacctgg caggttaatg ctgattattc cttggccttt cccttgtatt360
     tatgcaagga aggatatact gagctgatac tcttccaagc ctacaacttc aagttttatc420
     atttgaactc aagtactttt gctgctgagg aatggaatca aaagaacgta gtctcctggt480
15
     gaccacctca gatctctatt attaggctag atgtatagcc tctactcccc cagcttcttg540
     ctcttgaccc tgcactgtaa gttgcccttc tattagcagc caaggaaaag ggaaacatga600
     gcttatccag aacggtggca gagtctcctt ggcaatcaac caacgttgct atgaaatatg660
     cctcacactg tatagctcat tataggacgt caggtttgtt gaaaaaagtg ggcaagacat720
     gattaatgaa tcagaatcct gtttcattgg tgacttggat aaagactttt taattttaaa780
20
     aaaaaaaaa aaaaaaaa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

- 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 882 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

30

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 40 (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

```
attccaaaca tggcggctcc actagggggt atgtttctg ggcagccacc cggtcccct 60 caggccccgc cgggccttcc gggccaagct tcgcttcttc aggcagctcc aggcgctcct120 agaccttcca gcagtacttt ggtggacgag ttggagtcat ctttcgaggc ttgctttgca180 tctctggtga gtcaggacta tctggatatt gcaagacaga aaccggtgtt240 gatcagtgta tccagaagtt tctggatatt gcaagacaga cagaatgtt tttcttacaa300 ctaaggaatg aattacagcg gaaagatgca ctagtccaga agcacttgac aggcgctcct480 cattggcagc aggtgctgga ggacatcaac gtgcagcaca aaaagcccgc cgacatccct480
```

```
cagggeteet tggeetacet ggageaggea tetgeeaaca teeetgeace tetgaageea540 acgtgageaa agggeagagg cagttggeet atgagtggge tgatgegtga ggttggeeac600 acatteette etgtggaett gacattttgg aagaactett tgeeagataa tgagtteatt660 ttagtttat geteecattg aaaaatttte cactattttt ataagetgtt aatteetta720 gtaetttata acatgtetgt agettggata aaccaagtaa gtatttttt tttgteettta780 geaaagttta gactgtgaat atgatgaeac agattettt ttatggtgge tttgettgtt840 ttaaattttt geatgaettt taaaaaaaaa aaaaaaaaa aa 882
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

10

15

5

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2901 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

```
actgagtgaa gatgaaatca ggacactgaa acagaaaaaa attgatgaaa cttctgagca 60
     ggaacaaaaa cataaagaaa ccaacaatag caatgctcag aaccccagcg aagaagaggg 120
     tgaagggcaa gatgaggaca ttttacctct aacccttgaa gagaaggaaa acaaagaata 180
35
     cctaaaatct ctatttgaaa tcttgattct gatgggaaag caaaacatac ctctggatgg 240
     acatgagget gatgaaatee cagaaggtet etttacteca gataacttte aggeactget 300
     ggagtgtegg ataaattetg gtgaagaggt tetgagaaag eggtttgaga caacagcagt 360
     taacacgttg ttttgttcaa aaacacagca gaggcagatg ctagagatct gtgagagctg 420
     tattcgagaa gaaactctca gggaagtgag agactcacac ttctttcca ttatcactga 480
40
     cgargtagtg gacatagcag gggaagagca cctacctgtg ttggtgaggt ttgttgatga 540
     atctcataac ctaagagag aatttatagg cttcctgcct tatgaagccg atgcagaaat 600
      tttggctgtg aaatttcaca ctatgataac tgagaagtgg ggattaaata tggagtattg 660
      tegtggecag gettacattg tetetagtgg attttettee aaaatgaaag ttgttgette 720
      tagactttta gagaaatate eccaagetat etacacaete tgetetteet gtgeettaaa 780
45
      tatgtggttg gcaaaatcag tacctgttat gggagtatct gttgcattag gaacaattga 840
      ggaagtttgt tcttttttcc atcgatcacc acaactgctt ttagaacttg acaacgtaat 900
      tgctgttctt tttcagaaca gtaaagaaag gggtaaagaa ctgaaggaaa tctgccattc 960
      tcagtggaca ggcaggcatg atgcttttga aattttagtg gaactcctgc aagcacttgt1020
      tttatgttta gatggtataa atagtgacac aaatattaga tggaataact atatagctgg1080
50
      ccgagcattt gtactctgca gtgcagtgtc agattttgat ttcattgtta ctattgttgt1140
      tettaaaaat gteetatett ttacaagage etttgggaaa aaceteeagg ggcaaacete1200
      tgatgtette tttgeggeeg gtagettgae tgeagtactg catteactea acgaagtgag1260
      tggaaaatat tgaagtttat catgaatttt ggtttgagga agccacaaat ttggcaacca1320
      aacttgatat tcaaatgaaa ctccctggga aattccgcag agctcaccag ggtaacttgg1380
 55
      aatctcagct aacctctgag agttactata aagaaaccct aagtgtccca acagtggagc1440
      acattattca ggaacttaaa gatatattct cagaacagca cctcaaagct cttaaatgct1500
```

```
tatctctggt accctcagtc atgggacaac tcaaattcaa tacgtcggag gaacaccatg1560
     ctgacatgta tagaagtgac ttacccaatc ctgacacgct gtcagctgag cttcattgtt1620
     ggagaatcaa atggaaacac agggggaaag atatagagct tccgtccacc atctatgaag1680
     coctocacet gootgacate aagtttttte ctaatgtgta tgcattgctg aaggteetgt1740
     gtattettee tgtgatgaag gttgagaatg ageggtatga aaatggaega aagegtetta1800
     aagcatattt gaggaacact ttgacagacc aaaggtcaag taacttggct ttgcttaaca1860
     taaattttga tataaaacac gacctggatt taatggtgga cacatatatt aaactctata1920
     caagtaagtc agagcttcct acagataatt ccgaaactgt ggaaaatacc taagagactt1980
     ttaaaaatag gctttcttat atttgatatt tggaagaaaa agccgtaagg tgtatgtaga2040
     ccacttaatc actaaatatc tttgcctata ggactccatt gaatacatta gccattgata2100
10
     atctacctgt ttaaatggcc cctgtttgaa ctctcaagct ttgaagacct acctgttctt2160
     ccagaagaga acgttgaaag tgccatgttt ccttttgcgt gatctctgtt gatggcactc2220
     tggaattgtt tcagttaagt cattttagac atagcattta ttatcactgt ggatctctac2280
     tacattttat aaaatgttgt agtgaagccc acaattgacc tttgactaat aggagtttta2400
15
     agtatgttaa aaatctatac tggacagtta caagaaatta ccggagaaaa gcttgtgagc2460
     tcaccaaaca aggatttcag tgtagatttt gtctttcttg aacttaaaga aacaaatgac2520
     aaagtttgaa tggaaaagcc tgctgttgtt ccacatctcg ttgctgttta cattcctttg2580
     tggagcctac atcttcctaa gctttttagc aggtatatgt tgaacacttc tgtttcatgg2640
     ttgagacaga atcagaggcc atggatactg acaactgatt tgtctgtttt ttttctctgt2700
20
     ctttttccat gactcttata tactgcctca tcttgattta taagcaaaac ctggaaaacc2760
     tacaaaataa gtgttgtggt ttatctagaa aaatatggaa aatattgctg ttatttttgg2820
     tgaagaaaat caattttgta tagtttattt caatctaaat aaaatgtgaa ttttgtttaa2880
     aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a
25
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 579 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

45

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

```
aaagaaagag aaagaaagaa aagaagattg tagctagggg gagagtaggt gaaaagatga 60 acaacatgac cgggaagatt tectaatete accacageet ggetetacet taagtettta120 ataaaagett gactgaaggt accaaggtgt getgaagtgg aagcaaaggt ctccaaagte180 cagcatggta gacateagtg gtggtaacea aggacagace ccaaggcaag gtgaacetca240 aagcecaacat cagtgeetet gagtttgttt actagaaca aaggaagaat tecttgtaca360
```

```
aaatatagac agagtagtcc ctggctttct cctcttgcag gaaggatgga ttctcccatt420 ccataccatc tttccccac actggcccca gaaatactta attcaactat gtgaaaataa480 agattgttt tggtttgagg gcatagggat ccatttatcc ttattcttta tgaggcacta540 aattagcttt gtatgttatt aaatgtgtct cgtcaatgc 579
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2809 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

25

5

10

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

```
30
     gcagggcctc gtgccgtttg cataaatagg ttttctcact cttcttttt tccttcttt 60
     atccctcact ccctccccta aaccctgctt cagcacaatg gactaattct agcattctga 120
     tcataaggcc ctccattttc ctaatgtgtt tcaaggaatc tttttaggaa aaatatccag 180
     attattcatc cactttttt agtatctact aacaactcct ttttttctct agagagttat 240
     gaaggaacag gttgtccttg tctggagtca agctaaacac atgatttgtt ttatcagcag 300
35
      ctggagcaga agttgaaaat gtctttctgt gagacagtaa tttgctactg aagctttatg 360
      gcttgtttgc actgattact ccaggatcca aaaacttggt gaaagtcact gaaacactca 420
     aggcaaatta ctttacagcc ctgagtgtct gtcaccatag tttgcataat gaatatgaat 480
      cccattggtg tgtgatgtag gaaatcctgt agttgtattt tcttgaactg aaatatttga 540
      ctcaaaataa ttaagactca ttgtcatttt tcatcttggc attattgtgg acaagttgac 600
40
      atattaaatc tetttgettt etggtaaget tagettttaa aatgeatttt eeettgteet 660
      gtotttaact agatatacat gottatattt atagtgggtt toacagacta taaaattgaa 720
      tgtatgaaat ttttatttat atcagtgctt ttaataatga agatattttt ggagtaatgg 780
      tgctgtcttg tagcgagtta ttaatcatag taagattttt ttctcttcat ttgcttttt 840
      tgtttcatat taacaatttt ttttttacac ggacacaacc ctctgacagt ctttccaaat 900
45
      attaaaatca tttgaatatg tatgctgtga tctgaacact gctcaagcca tcaagcagtc 960
      ttcatacagt ttgcattata aaatctcatt aaattctcca agaaaaaata agttgaagaa1020
      ttttatttcc tgaccatgca tcccctggat ttctgagttt cagttcagat tgtagatgac1080
      aatataaget geetteegaa attgteaaea tetgaatgtt aagteeattt teeceatggal140
      agaagcccgt agttccatga agtatggatt accatttgta tttttcacta acagtaaatg1200
50
      tatttttctt attaattgtt tgccttagga atgatgaatt acattttttg ttccttctta1260
      ccataaacat ctgcattcct cagctcagcc ttccttgtat gttgtttctt tataaatggt1320
      tgagctgctg atgcaggtat tgccaagcta acagtacaaa tcattttaaa gaggaagctg1380
      gcgcgtatgg cagccgagga gcacactctg caggacactg gacaagacag taaatattca1440
      acttttaatg ctgattaaag gagtataggt aaagaatacg taggtataca taattggtga1500
 55
      gacaaatatt cactttattt atattttata tattatttt ttaatttggt aaatactatc1560
      cagttttgta gttgtccttg ttgatttgtg tgatattaaa gtattagtaa taattgccag1620
```

```
gaaactatca ttagggaggg tttagttggt tgctgtttgg actgggaggg atgatttaaa1680
     tttagtgcta gaaaccaatt ttagtgactg cacagtttat catttgtcag acagaaggta1740
     gctataaagc taccctgtaa gtcatatcaa aaaagttcag aggaagatta gtaaatattt1800
     atcaataaaa ataaacattt tgtttttcta atatcttaac atatcctccc ctttaggagg1860
     aagaacgtgc aaaacgtgag gagctagagc gaatactgga agagaataac cgaaaaattg1920
     cagaagcaca agccaaactg gccgaagaac agttgagaat tgttgaagaa caaagaaaga1980
     ttcatgagga aaggatgaaa ctagaacaag aacgacaacg tcaacaaaaa gaagaacaaa2040
     aaattateet gggeaagggg aagteeagge caaaactgte etteteatta aaaaceeagg2100
     attaaattgc aaactctgaa ctttttacaa agaaaaatgg aaaaactttg tatggtagct2160
10
     tcatgttgaa gtggtttttt gtttttgttt ttgttttttt aatttgtaaa atctggaaag2220
     ttagcttgtt ctaatagggg ctatgctctg caattccctt ttttttttt tttttcctt2280
     ccactaagtc aaatccttat cagatcattg ttgtattcta aggagtgacg tatttttcac2340
     ctgtttggat tctatattag tggtctgagg aagagcagat cacattgtaa aactatggat2400
     ggtctgataa ggcttttact gaccccactg acttcagagt tatactctgt ttgctacatc2460
15
     ataatgctgg ttttgctgåc tttttgtttt tttatatatt tataaaaaaa gaaaaagttg2520
     gtgattgcat tgggaaattc ccagggtatt actggaccta tgtggtgtat tgttaaacca2580
     gtgtccttgt gatactgttg ctcttgatgt tcctgataca ggtaaggaaa cagttggtca2640
     actotgatac aaagtatata tacagttcag tattgtctct gttcattttg tttttatttc2700
     attgacaaaa tcaaaccagc attccccatt gtgtaaataa atgattttgc tgaataaagt2760
20
     aaagtcttaa attcaaaaaa aaaaaaaaa gaaaacaaaa aaaaaaaaa
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 910 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 40

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

```
agttcggcac agagaaagta ttttaaccta cctgtagaga tcctcgtcat ggaaaggtgc 60 caaactgttt tgaatggaag gacaagtaag agtgaggcca cagttccac cacacgaggg120 cttttgtatt gttctacttt ttcagccctt tactttctgg ctgaagcatc cccttggagt180 gccatgtata agttgggcta ttagagttca tggaacatag aacaaccatg aatgagtggc240 atgatccgtg cttaatgatc aagtgttact tatctaataa tcctctagaa agaaccctgt300 tagatcttgg tttgtgataa aaatataaag acagaagaca tgaggaaaaa caaaaggtt1360 gaggaaatca ggcatatgac tttatactta acatcagatc ttttctataa tatcctacta420 ctttggttt cctagctcca taccacaca ctaaacctgt attatgaatt acatattaca480 aagtcataaa tgtgccatat ggatatacag tacattctag ttggaatcgt ttactctgct540 agaatttagg tgtgagatt tttgttccc aggtatagca ggcttatgtt tggtggcatt600 tacaaaccaa gcctaagaca catctgtgaa tacttagatt tgtagcttaa tcacattcta720
```

PCT/DE99/01087

WO 99/53040 152

```
gacttgtgag ttgaatgaca aagcagttga acaaaaatta tggcatttaa gaatttaaca780
tgtcttagct gtaaaaatga gaaagtgttg gttggtttta aaatctggta actccatgat840
gaaaagaaat ttattttata cgtgttatgt ctctaataaa gtattcattt gataaaaaaa900
```

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1447 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure 10
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

15

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT: 25
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

```
30
     gcgacggcgg cttagaaagt gcttcctgga gcgcagacga ggtcatgaat catgtgacgg 60
     tggcttgagg aggaacctgt ctttaaagct gtccctgaag tgacagcgga gagaaccagg 120
     cageccagaa acceeaggeg tggagattga teetgegaga gaagggggtt cateatggeg 180
     gatgacctaa agcgattctt gtataaaaag ttaccaagtg ttgaagggct ccatgccatt 240
     gttgtgtcag atagagatgg agtacctgtt attaaagtgg caaatgacaa tgctccagag 300
35
     catgetttgc gacetggttt ettatecaet tttgeeettg caacagaeca aggaageaaa 360
     cttggacttt ccaaaaataa aagtatcatc tgttactata acacctacca ggtggttcaa 420
     tttaatcgtt tacctttggt ggtgagtttc atagccagca gcagtgccaa tacaggacta 480
     attgtcagcc tagaaaagga acttgctcca ttgtttgaag aactgagaca agttgtggaa 540
     gtttcttaat ctgacagtgg tttcagtgtg taccttatct tcattataac aacacaatat 600
     caatccagca atctttagac tacaataata cttttatcca tgtgctcaag aaagggcccc 660
     tttttccaac ttatactaaa gagctagcat atagatgtaa tttatagata gatcagttgc 720
     tatattttct ggtgtagggt ctttcttatt tagtgagatc tagggatacc acagaaatgg 780
     ttcagtctat cacagctccc atggagttag tctggtcacc agatatggat gagagattct 840
     attcagtgga tcagaatcaa actggtacat tgatccactt gagccgttaa gtgctgccaa 900
     ttgtacaata tgcccaggct tgcagaataa agccaacttt ttattgtgaa taataataag 960
     gacatatttt tetteagatt atgttttatt tetttgeatt gagtgaggaa cataaaatgg1020
     cttggtaaaa gtaataaaat cagtacaatc actaactttc ctttgtacat attattttgc1080
     agtatagatg aatattacta atcagtttga ttattctcag agggtgctgc tctttaatgall40
     aaatgaaaat tatagctaat gttttttcct caaactctgc tttctgtaac caatcagtgt1200
50
     tttaatgttt gtgtgttctt cataaaattt aaatacaatt cgttattctg tttccaatgt1260
     caaaaatcta aacataatta atatactctt tcagccacat gaataaataa tgagtgtttc1440
```

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 671 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 15 (vi) HERKUNFT:

20

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:
- - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 803 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

WO 99/53040 154 PCT/DE99/01087

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

```
gaagatgagg tggaagaaga gtcaacagct ttgcaaaaaa ctgacaaaaa ggaaattttg 60
     aaaaaatcag agaaagatac aaattctaaa gtaaaaccca aaggcaaagt tcgatggact120
     ggttctcgga cacgtggcag atggaaatat tccagcaatg atgaaagtga agggtctggc180
10
     agtgaaaaat catctgcagc ttcagaagag gaggaagaaa aggaaagtga agaagccatc240
     ctagcagatg atgatgaacc atgcaaaaaa tgtggccttc caaaccatcc tgagctaatt300
     cttctgtgtg actcttgcga tagtggatac catactgcct gccttcgccc tcctctgatg360
     atcatcccag atggagaatg gttctgccca ccttgccaac ataaactgct ctgtgaaaaa420
     ttagaggaac agttgcagga tttggatgtt gccttaaaga agaaagagcg tgccgaacga480
15
     agaaaagaac gettggtgta tgttggtate agtattgaaa acateattee teeacaagag540
     ccagactttt ctgaagatca agaagaaaag aaaaaagatt caaaaaaaatc caaagcaaac600
     ttgcttgaaa ggaggtcaac aagaacaagg aaatgtataa gctacagatt tgatgagttt660
     gatgaagcaa ttgatgaagc tattgaagat gacatcaaag aagccgatgg aggaggagtt720
     ggccgaggaa aagatatete caccateaca ggteategtg ggaaagacat etetaetatt780
20
     ttggatgaaa aaataataac ggc
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 828 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

25

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 40 (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

```
agcacttcca ggctgggtg tttgtttgga ctggagaagg gaggcggg gcgaaggcac 60 gtcgagcggg ggagcggcc tgcctgtgga gatccgcgga ggccgacagg attcgttggc120 tgccgtcccc gctgctgtc attgggttaa aaacgacaac caacatcagc catgaaagat180 ccaagtcgca gcagtactag cccaagcatc atcaatgaag atgtgattat taacggtcat240 tctcatgaag atgacaatcc attggagaa gaagaattta tggaaaatga agaagaattc300 aacagacaaa tagaagaga gttatgggaa gaagaattta ttgaacgctg tttccaagaa360 atgctggaag aggaagaaga gcatgaatgg tttattccag ctcgagatct cccacaaact420 atgaccaaa tccaagacaa tccgaagcaa cttgaatcca aatgcaaagg aggttgttc ttctctggaa480 gatcttgtgg tcaagagcaa tcctgaatcca aatgcaaagg aggttgttcc tggggtgaag540
```

```
tacggaaata tttgagtaga cggggccctc ttttggtgga tgtagcacaa tttccacact600 gtgaaggcag tattagaaga cttaattgta aaagctctct tgtcactgtg ttacacttat660 gcattgccaa agtttttgtt agtcttgcat gcttaataaa agtgctgaga cacttgttac720 ctaagtaaaa agcctggtcc aaaccatttt actgggaaaa taggattggg gcccatggc780 cttggatggt ggaagaccgc caaggggaag gaaccaccag gcccaagt 828
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 552 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

25

30

45

10

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

ttggtttccg gcgccaacca atgtgggagc tgtaatagta agagcttcct aaccaaagct 60
tggtattacc gtgtgggtt tcgtttttt cgtggtggtt tatttgattt tgattttt120
ttcttttatg tgatctttgg gaaaacacat tcagaattat atctcgttc tacttaaaatg180
tagtgcttag ggttaattt ttgtactgaa gtctttattg gtgggtgcat gctactggga240
acaagtttt gtacaaaagc ttcaatcaga atcactgtge attactgaga ctctgttat300
cactagcctt ctgtccctcc cgcagaagac tgttggattg aacaaaataa tatgtattt1360
gatttactta aagtgcttgt aaatttctta gggacctgcc acttttgact gtggatcagt420
tgatgtacac ttgtattatt aaagcactca ataaatcact gtggctgata actgcaaaaa480
tgggaacccg acatttgctt tgtgtcctgg tgaccgctgt agccctacgt gcagtgaggc540
cttgtctaat tc 552

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 993 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

```
(iii) ANTI-SENSE: NEIN
```

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

```
gcggtattaa tatttaattt attttttta cttataggtc atgttgatgt ctatgataaa 60
     cagatgtttt gcctctgaca gcagaacttc ctttcatttt tctcattcgt tttctttggt120
     gggttcattt ttttgaatca accacattc attatttcta ttaagcaatt tgacaggact180
     gttgtagcct gcagtgtagt aaaccttctc atcgaaaact tttccatctt cccttaaaat240
     gcttgctaat gtcaaaagtt gttcttgatt cttttgggca ctagaaaatc catcgaaaga300
     ccgtacaaac acagtcattt cggctctatc ttcaatgaag acatctgact ctaaaggcct360
     gggtggatca aattgctgtt cagagggaat atacagggaa atggtaatgg tagactcact420
20
     aaaaggacct gaaccaggct ccacgtagct tgtcactgga gctgtcatct ttattttcat480
     ctctttctcg tttttgcctt gaatgtagct gttcagtttc gtaaagcccg tctggatggc540
     tgaatcccag tccatagact ccacggacgt gctgacccac ttggctggtc catagtgtcg600
     gateteataa etteeggget gggggeegge gteeteeggg geetteeage eeggegtete660
     cacagettgg geogeogegt ceteggeege eeeggggtet ggetggageg geteggeeat720
25
     gggcggcgtg acgctctggg agcctggtca gccgcgcaga ggccccgcac cccgggccgc780
     cccgcctgcg tgtgcgccc ccgccgaggc cccgagtccc cctccgcaga cccqqtcct840
     cctcccggcc gggctggaga cccgagccca cccgatgcgt ctgcctctgg accgcgaggg900
     ggcgccgcca ccaaggcggg gccggctcac gaccccggac agctccggcc ggagttgcgc960
     gtcctgcccc cgccccccg cggcgacagg gag
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2273 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- . (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

30

35

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

```
ctgcacctta gaaaaaaaaa gaaaaatcaa aaaaacaaaa aaacaaaaac aaaaaaagaa
     ggaaaatett ggagggtggg egtgggaaet eaggaeeeea gagtggegag tggtgtgggg 120
     agggagagee teteteece ttttetgtgt gagaggaaet ettagtgtet ggtgeageta 180
     ttaaatgtgc aatgtgtcaa gtagcttgtt ttacacgcta caacatagct catttgtaac 240.
     ccattgtata agctgtgtat ttacaaatat aacacaacaa tttaactttt ccttagaata 300
     caaaaagtca tgcatggtct ggggaactat atgcttttcc atttttaagt caggactgca 360
     atactgattc cagttaatga gcagctaaga tccaatctgt ctaatacagt gaccccctag 420
     ccatccgggc ctggcaatat acaatttttt ttcccctcca agtttgtaac actccccttc 480
     cagaaaggca ttgtgcaaca caggattatt tttaaatgat tctgaatttg aattaacttt 540
     ttggagaatt ctgtgatgcc cttagaagaa attggacacg tattgagtgt cacaaagctg 600
10
     gggctgggaa ttgctggtct aatgtttcat tagacttaag aacctaaaat ttttctcagt 660
     tgggtggata aaaccactaa cgcttagaaa ctgttttctc atgcagctat gtttctctta 720
     tttatgcctt gaggactaat ttctggtttt ctagctgtta atgcactgtt gaccttcata 780
     atggtgcctt acgcaagcga tcccttctgt gggggtctca tacaggggtg tgggcgatgc 840
15
     atgetttatt aaggetettg ttteacetgg eagtgtactg tateaaegta taatacagaa 900
     aaaaaaatctc tttaaggtcc tccttcacaa agacatagag tgaaactccc tttacatgtc 960
     agtatttgtt caacacttta ggcaacttga ctgtcagtgt taaaatggaa aacaggaaaa1020
     tggaaaaatc tgaccaattc tgccaccttg agactttcat atagaccttg cacaacaatt1080
     gtatagatca cacaccggct gtatttaata tgtaacattt tcacacatat taaagataca1140
20
     gaagtattaa aaaaccccca atgttaatgt atttgcttaa aaggcacaag tttcacatat1200
     ctgtctagct atctgttggt aatacagaaa gtatactact tttttaaaaa agtgggcaga1260
     attcttgtgt atgtatattt gtgtgtacag tatgtgtatg tgtgtatata tatatattat1320
     atatatagat aatatataaa tattttttt aaggagaaac tagaatgttt agctagaaaa1380
     ttccacagcc tgtgaagaaa tatttcaaaa tggccataaa ggaggtaaaa atgaaaacca1440
25
     taacctaact tttatagagg ctttatcttt aatttaacga tgtgcggagg actttcttgc1500
     ttgaatctgt tccgggctgt ctgctctgtc catcaaatgg gcaggtctgg aatggggcac1560
     cttcggccgt tcagaagtgg cctgaacaga atgctggaac ccaggctgga ctcggacaca1620
     ctaaggtttt gattttgaat ttcagcctta ttagaagatc taacctaaga gtaagctaac1680
     cacagggatt cttttgtaga acacttttta tgcagatgaa gctattttt ccagcaagta1740
30
     gattetteca gtttttecaa ggagtaattt eecegaattg gcataceacg gegtggacag1800
     ctgatatttc acccagctgc tggcttgtgg gtgtggctct ttgctttata tatataca1860
     cacatgtgag tctggctggg ctggtatttt gtttgatctt cctggaaatg agcagtgact1920
     aacgctcaca taactggttt tttttttatc tgggctgatg aatacattta cctaagaaac1980
     tcatttcgtt ttacttaaga ggggaagtgc agttttcttt tggcagttca gaatccaagc2040
     acttgatttg ctgggtttgg aaaactcctt ttttggcctt ctatgtgctt agccataaca2100
     tgcacgggct tgtctcactt acgaaacatg tcggagctgt ttgcctqqqt qqqqctqqqt2220
     accgtacctg tcaatgcctg ggattttcca taaatttagc acgggacata aag
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 986 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

45

50

55

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30

35

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

```
gcgcgatata aacagttgga agagaaaatg gtacagcagt tacaagagga tgtggacatg 60
     gaagatgete ettaaaaate tetgtaacea tttettttat gtacatttga aaatgeeett120
     tggatacttg gaactgctaa attattttat tttttacata aggtcactta aatgaaaagc180
10
     gattaaaaga catctttcct gcattgccat ctacataata tcagatatta cggatgttag240
     attgcatctc agtgttaaat ctttactgat agatgtactt aagtaaatca tgaaaattct300
     acttgtaact atagaagtga attgtggacg taaaatggtt gtgctatttg gataatggca360
     ctaggcagca tttgtatagt aactaatggc aaaaattcat ggctagtgat gtataaaata420
     aaatattott tgcagtaaaa tattooottt gttaatgtta tagaaggggg gatacaaaaa480
15
     ggaactaaca atttgtatgg cagtgtcaga tatttttatt ttagtatttc ctgttttggt540
     ttatttgcat cttagaagag cataatgaca ttgtttgatg aagcctaatt atgctggact600
     gttttgacct ggtttaaccc ttctgatagg tagttgtgga tgctggggat gagaactgaa660
     taatctttgc ctggagtgac actacactct agaatttcca ctttggagaa tactcagttc720
     caacttgtga ttcctgatag aacagacttt acttttctag cccagcattg atctagaagc780
     agaggaatcc cagcgccttt taaaagttgt tatgtggttt tcttttaaaa agctcctgtt840
20
     tttggaaagt agaatttatg ggtacaacgt atgttcatta tttgtacata aaataaaacc900
     atttaaaaag ttaaaaaaga aaaaaaaag gggggaaaaa aaaagagaaa aaggaaaggg960
     aaaaagaaaa aggaggggag aagaga
```

- 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 526 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 40 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```
gcgtctatat tacatttatt gacactggat atttattat tgttatatac caggcaaaat 60
ggacacacca tcaggagata agacctgtat cttacgtgta agatgaaact tatgcaaaag120
gcacagaaca aattattgt tcacagttac ttttaactct ttcagcaatg cctgagtcct180
ctttatagaa acttcattt gctaagttag caaccattca ttttttggt tactcttcat240
gtatagtttt ctcaagtgtc tcttcaaata ctgcataatg gtatagacca tttaatattc300
caaacataat ctgaaagact agaggaatcg ccattaattt catttgtgt tgacaaagcg360
tcatccaatg gattaaaacc cttccttttg gtggcagtgg aacggtatga tacctaaaaa420
```

```
gaaaaaagag ttaatcacct ctcctggata tgaatgctat tagaagtttg ttgacttctc480 ctaaattgat aattgccttt ctagatctat aatgtagaga gcaaaa 526
```

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1765 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- 10 (D) TOPOLOGIE: linear

20

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

```
tttttttttt ttttttttt gctgtttttt atttattttg gattgttgtc aaataataat
     ttattttaaa aaaatctcaa aacatgttca aacacattca gtagcaaaga tccaccattg 120
30
     gcacacacat taagaaagca cacacactag gcttctagtt gggctaatta aaatctctat 180
     ggctggaaag gtggttggtt gtacttaatt aagctttttt gaagtgcaaa gctatgcata 240
     acagatgagc ttgaaagctg cagagtttaa gatagactta atttttcatg attttcccaa 300
     agccagtcat gatatttatt taatttgtgg tcttcagggt gcaccaatcc catgaagctc 360
     aattggatac ttccactgct ttgtcaggta ttcatctgag aacttgacaa tggtttttgc 420
35
     ccgaagatcg tagagaccaa gaggtttaag aagttctgac acatctctcc agtctgcggt 480
     tcttgctacc tcagctgaag gatacttctc cagaaacttc caaagcacag gtattgccat 540
     tttgcctgag gtccgattga gaaatatagt agcgatgaga agcttccatg gatcatgaaa 600
     aagtgtttct tgaacgagat taaaaggtga ccgaggaggt gtccatttct taaaggcttt 660
     acgtcgtggg gggctaagag cttctttgtt atatttgctg gaaaaataca ggcttgtttt 720
40
     cettetttet atetgtgtte gtgggatggt atetteagtg aagtetttee tggttggtga 780
     gcagttgttg tccatttcag agccacgttt taaaatgtca gtatgcaaat gttctttcct 840
     ttccacaact tctacttttg ttccgatttc ttcagattct aaaaaggtat cctcatactt 900
     ctcgttgtgt tctgagtctt tggctgaaca aaatttgttt atgatgccag aagttttttg 960
      ttcagaacaa aaatttgatc ctgaactcaa tgatctttct ttttttttta caaggctgtt1020
45
      ttetteactg gteacactga gggteteace acatgeteca geateagaaa tgeagacagt1080
      tctatcaagc tgacttttt gtgcaacagg ttcactttca gcatctgctt tattacacac1140
      agattetett ttgetateae tttgaacaaa acctgaacag etetteetae atcettttt1200
      agttttctta attgggattc ctttcaaaat agtcaccttt cctttgggct ttctaacctt1260
      tetgaagtta acateateaa caeceteate ttettteaaa ageaaatgag tggaagtaaa1320
50
      gttagagagt cctctgctct cctgcaactc tgaactacta cttggcggca taaacacatc1380
      ctttttgcac ttgcttcggg tcctgaggtt ccagtttgaa ttgttacttt ggttttqtaq1440
      atgggatgtc agggctgcca tgctgcagtc tttatatctt gacttgatac cccttttaga1500
      aagtacagta aaatcaaaat cttctggctt aagagaagtc tctccatttt tgtgaagata1560
      attagcaagt gaacttttgg atctgaactt cagtccttgt gggctagaaa atgatattaa1620
55
      aggaaactta ctgctagtaa atagaaggga cttttaaaaag aactggacca catttcagat1680
      ttctaattaa tttccaaatg ttgccatagg tatctgtcat ttaaaaatga aaaagagtga1740
```

taaatggcac ttttaaatgg tttcc

1765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

5

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 746 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- 10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOI EKÜLTYI

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

45

50

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

gttttttttt gttttcttta aatttggatg tctctacacc actcctgatt tgtaggacta 60 aatagatcta tttattccaa tgcaaattgt gtaacattta tttcttcctt gatttttaaa120 30 aatactttag tattettaac tatgtatgtg cettetetta cactgagtte ttttttgete180 ctttcagctg ctcacacaat cctgtctgtt ggagtcatag ctgctaattc catattattt240 ctctacacac cttgaacatt tagtgtatta ctggtaccct tctgtgttct aggaaacaaa300 tgaattgcaa actggacttg taacaggatc atacatagag caacaaatta gctactggct360 ttgtaagata gtaagttagg aatttcacag tcatgtctcc aaatttcatg gcagagttta420 35 aaaaacaata taagactgtg gtaaggtaca aacgcaaatg caatttgcgt tgactaattt480 cctaggactt atttecttat gtaaaacccc tgttetttet tteetgeeac aagacagggt540 acaaagcttt ctaaaacatg ctctcaggtg tccacacctg agacattgct ttgtggatac600 tctcaaaaggt gtccacaaag caaaaaaatc agaccaaatg ctaagagcaa gtaacttata660 cctcaccacc tggacatggc actggcaaaa gtcacttcag cattagaaca gtaatgtttt720 40 tgctaaatta ctaaaataat agccgc

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÂNGE: 659 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

```
(iii) ANTI-SENSE: NEIN
```

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

```
agcagactca caccagaact acattccctg gcccctgcc tgtgtgcttc tggccaggcc 60
ttggttggca agtctgaccc gagaaaagga tctgcagaaa atcagactat gggatcactt120
tgtttgtgca ttgggaatga cattctttcc caccccagga aaacctttgg gactttcaga180
gacattgtgg ctagccaacc acatggtcag cctcaaagtt gagaggctca gtaaccctcc240
tatccctaga gaattccaaa gtgtggatgt aatttaacta gaaagccatt ggtgactatc300
tgtgatcctc tggaagtatg ctatgttgtg tatatcttgc atccaaagcc agagggaacc360
acaatgacta gtaaaacggt ggtctcaatg cccacttagc ctctgcctct gaatttgacc420
atagtggcgt tcagctgata gagcgggaag aagaaatatg catttttat gaaaaaataa480
atatccaaga gaagatgaaa ctaaatggag aaattgaaat acatctactg gaagaaaaga540
tccaattcct gaaaatgaag attgctgaga agcaaagaca aatttgtgtg acccagaaat600
tactgccaqc caagaggtcc ctggatgccg acctagctgt qctccaaatt cagttttca 659
```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 357 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

45

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 40 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

```
cgcagtgcgc agccgtgggg ctctctcctt gtcagtcggc gccgcgtgcg ggctggtggc 60

tctgtggcag cggcggcgc aggactccgg cactatgagc ggcttcagca ccgaggagcg120
cgccgcgccc ttctccctgg agtaccgagt cttcctcaaa aatgagaaag gacaatatat180
atctccattt catgatattc caatttatgc agataaggta aggcatcctt gtttttggac240
acagtctctt tactcagatc agctagttct acatatgaat tttcttatat gtctctcaac300
aagtgcttaa aatgcctcgt tgtgctgtga gtaaaggtct gttgattagg ctgggcg 357
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 890 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 20

45

5

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

25 eggaggeage ggaaageega geeaggegee tgegegetgg gaagagtagg tteagagtge 60 atteeggaae eeggggegeg gegeaetgeg eaggeggeeg gaeteegete agttteeggt120 gcggcgaaca ccaaagtccg ggaacttaag cattttcggt ttctagggtt gttacgaagc180 tgcaggageg agatggaggt ggaegeaceg ggtgttgatg gtegagatgg teteegggag240 30 cggcgaggct ttagcgaggg agggaggcag aacttcgatg tgaggcctca gtctggggca300 aatgggcttc ccaaacactc ctactggttg gacctctggc ttttcatcct tttcgatgtg360 gtggtgtttc tctttgtgta ttttttgcca tgacttgttc gctgatatct aaattaagaa420 gttggttctt gagtgaattc tgaaaatggc tacaaacttc ttgaataaag aagacaggac480 tctcaataga agaatttcac atctccaagg gaccetteet ttcattttac actttgttac540 taatttgcag aactctatta attgggtagg atttcacccá ttcctagcta agttcttaaa600 attaaaccct ttggttcgtg tttaaaaact ttcaaacatc tgatggcttt acaggggctg660 aatataaaag catttgtact taaaggtett gtgtatteat taagaaatat agtaatgtet720 tttaatgttt taagagttga tcagggttta ctatggatgg caagtaatag ggatgattaa780 taaggggaag gtttttatgg aatttcaaaa gtcaatttat ttcaaaagcg ggggaaaggg840 40 ttttgagagg aggggggccc aaggtgttcc tggggtttgc cgagggaggc

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 651 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

```
(iii) ANTI-SENSE: NEIN
```

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

```
gccgtatatt gcatactaca tcagcaaaag gtgttgcggc tttataagcg ggcgctacgc 60
cacctcgagt cgtggtgcgt ccagagagac aaataccgat actttgcttg tttgatgaga120
gcccggtttg aagaacataa gaatgaaaag gatatggcga aggccaccca gctgctgaag180
gaggccgagg aagaattctg gtaccgtcag catccacage catacatctt ccctgactct240
cctgggggca cctcctatga gagatacgat tgctacaagg tcccagaatg gtgcttagat300
gactggcatc cttctgagaa ggcaatgtat cctgattact ttgccaagag agaacagtgg360
aagaaactgc ggagggaaag ctgggaacga gaggttaage agctgcagga ggaaacgcca420
cctggtggtc ctttaactga agctttgccc cctgcccgaa aggaaggtga tttgcccca480
ctgtggtggt atattgtgac cagaccccgg gagcggccca tgtagaaaga gagagacctc540
atctttcatg cttgcaagtg aaatatgtta cagaacatge acttgcccta ataaaaaatc600
agtgaaatgg taaaaaaaaa agtgccattg tagtatgcaa taataagcgg c 651
```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1256 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

45

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 40 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

```
ctcgagccga attcggctcg agctttcatc tgaccatcca tatccaatgt tctcatttaa 60
acattaccca gcatcattgt ttataatcag aaactctggt ccttctgtct ggtggcactt 120
agagtctttt gtgccataat gcagcagtat ggagggagga ttttatggag aaatggggat 180
agtcttcatg accacaaata aataaaggaa aactaagctg cattgtgggt tttgaaaagg 240
ttattatact tcttaacaat tctttttca gggacttttc tagctgtatg actgttactt 300
```

```
aaactatcta aaatagagca ttttggtatc tttcatctga ccatccatat ccaatgttct 360
     catttaaaca ttacccagca tcattgttta taatcagaaa ctctggtcct.tctgtctggt 420
     ggcacttaga gtcttttgtg ccataatgca gcagtatgga gggaggattt tatggagaaa 480
     tggggatagt cttcatgacc acaaataaat aaaggaaaac taagctgcat tgtgggtttt 540
     gaaaaggtta ttatacttct taacaattct ttttttcagg gacttttcta gctgtatgac 600
     tgttacttga ccttctttga aaagcattcc caaaatgctc tattttagat agattaacat 660
     taaccaacat aattttttt agatcgagtc agcataaatt tctaagtcag cctctagtcg 720
     tggttcatct ctttcacctg cattttattt ggtgtttgtc tgaagaaagg aaagaggaaa 780
     gcaaatacga attgtactat ttgtaccaaa tctttgggat tcattggcaa ataatttcag 840
10
     tgtggtgtat tattaaatag aaaaaaaaa ttttgtttcc taggttgaag gtctaattga 900
     tacgtttgac ttatgatgac catttatgca ctttcaaatg aatttgcttt caaaataaat 960
     gaagagcagc tgtccttctt tcctctttta agtgttcagc tgtggcatgc tcagaggttc1020
     ctgctggatt ccagctggag cggtgtgata cccttctttt tcagctgttc gtgccttcct1080
     ttcttgtatc caccaaagtg gagacaaata catgatctca aagatacaca gtacctactt1140
15
     aattccagct gatgggagac caaagaattt gcaagtggat ggtttggtat cactgtaaat1200
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 694 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

25

20

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 35 **(C) ORGAN**:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

```
gtttctaaag gatgtgtaag aaaccagagg taaaggtctc gcgatatctt aagacatccg 60 gcgtagtacg cttcagtgag ccacagcgct agagaaggtag gagaaggtcg cgagatctgt120 gccgttgccg aggagactag gaggggagg agaggggatc tcgcgaaagg aaagaggtcg180 ggagcgctcg cgagatctcg gaccaccaa cctgaaaggt gcttaggaag ttgaaaggcc240 cagagggagg ctccggaaagg ctggaccgac catgctgcta cgagaagaga300 atggctgttg cagtcggct cagagcagct ccagtgctgg ggattcggac ggagagccg360 aggactcgac ggctgagcgc gcccgacagc agctagagg gctgctcaac aagactatgc420 gcattcgcat gacagatgga cggacactgg tcgccggct cctctgcact gaccgtgact480 ggagccccg tgtgctggc ctggccatgg tccccaagcc gtcggattcc ttctctgccg540 ggagccccg tgtgctgacc gggcctccgt acccggaca ccacatcgtt tccattgagg600 tgcagaggga gagtctgacc gggcctccgt atctctgacc acgatggcg ttacctttca660 gacttcatta aacttatgac cgaaaaaaaa aaaa 694
```

55

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1927 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 15 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

```
gcgagtattt atttttttt ttttttttt acagaaattg acctttattt gttgtactaa 60
25
     agcctgttta acttttgata caaagtaaca ttttagtaca gaaaatccca gtctgtcagc 120
     tcagtacctg tctgtgcaca ctgtaccatc tcagtcccac tctgcctgta acttagaaaa 180
     cagecectae ecceagaggg tetgegagtt aatacettga gaatagteta eagttttea 240
     tagtttgtct gagctagaaa acttgtacct gtaaaacaaa ggacagcatt gaggactgaa 300
     acttgtctct tttttgaaca actgtgcaag aaaatatatc cctttttaaa aaacatcagt 360
30
     tatggctaaa ctacaatcta gtgtctagaa ttacaaagaa taaaatgaaa tcaaagattt 420
     ctcgctagta aaatgaaatg ttaggaacag tattaaaata taggtcctac cccaacgaca 480
     cttacacaga gcccagtaca gtacctatta ttaacaggac gcatagctta aggaggaacc 540
     acatcaaatc ttcagccaga catatctagc ctcagaagtg caaaaaaaaa aaaagccccc 600
     aaacgaagac acccacactg agtagggtgc atgccgtgag tgctgtaatc aagattaaaa 660
35
     agacctcagt ttttctttt agactgttga tagtgacaat aaccattatg cttcccctaa 720
     aagctctcaa ttcaatgtct gaaacatgaa tgttttcata tcaaaaagaa ctgatgtacc 780
     tgccaccctc taaaaagttt aagaattacc ctgcaaacat tgcactgatg aaggctgtca 840
     cgacttacag agcctaagga ggacccaatg gcaggcatca gcacagctga acaccacctg 900
     gaccccactg cagccctgcc cacgcagctc tcacggagca gacacagtcc tcaagtaata 960
40
     agcacagatg gaggagaaac gagaggctgt ggaaggcagg agagaaaggc cgagagacga1020
     gtttgtaaga atgccaaagt caccttcccc attgtgggag gaaaatgcca aaggcactgg1080
     ttctgctgcc acaggcagtc tgagcacctg gagttgtgac gtccttccag gagaggtgcc1140
     accaaggage aggaggtttg tcaaagetet ggteecacea acaagaacet eecaaageaa1200
     agcagccccc attgaggttc caaggtcgtt ttgctgaaga cgggaacgaa accaacacca1260
45
     aagcgacagg gggttgacag aggggacagg ggctgggcac cggcaacatg gagccgttca1320
     agtaaacata aaccaccaaa tacttagaaa aggettgtaa acgagtgate cgaaaggtte1380
     tetttgcage atetetgate agetggetaa agaaaggtgg gtgctgaace cgtetttagt1440
     gttatctgtt ttgtgttaaa gcacacgtgt gacacgggca gagtgtgtgg gcctgggcct1500
     ggatcgcacg cagccgtggc cctctgtcta caaaggaggt gcttctgggt cctggttccg1560
50
     gateetteee eegeatgtte atagaeggae agaettetae ttteagtege tagaaaagag1620
     gagcgggcag gctggaatcc acaggacttt attttgttct tgattgacca ttgccaagat1740
     ctgagtgcaa atgcttgaca gggctcctcc ctggatgacc cctgcaaaag agcccccag1800
     acacgtcatt cagctcagag taagacccca ggtttgaggc aaggcagtac agcttgcact1860
55
     ctttctactg tgtggctgtc tgctttgtgc tccttggcac tctgctccat ccccacctga1920
     ctctcct
```

- 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 672 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

10

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

```
gccttttat tttttttt tggtcgttat gctgcatta ttatgagaat caacagtcaa 60 cagttaatga ttgactaact cttgttgtc actctggaca ttaacgaaaa agactggaat120 agggctacag cgctgcttt atgctacacg ggttatgctt ggactctgac tcccagcagc180 aggtagattc aggaattcat ggcagtgaca ttcaccatca tgggaaacac cttcccttt240 cttcaggatt ctctgtagtg gaagagaga cccaagtgttg ggctgaaaac atctgaaagt300 agggagaaga acctaaaata atcagtatct cagagggctc taaggtgca agaagtctca360 ctggacattt aagtgccaac aaaggcatac tttcggaatc gccaagtcaa aacttctaa420 cttctgtctc tctcagagac aagtgagact caagagtcta ctgctttagt ggcaactaca480 gaaaactggt gttacccaga aaaacaggag caattagaaa tggttccaat attcaaagc540 tccgcaaaca ggatgtgctt tcctttgccc atttagggtt tcttcttt cctttctf600 tgttagtct tcgttcttt tttcagtttc catcagatct ccccctcgtg ccactggaat660 ctcagaggtt
```

- 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:
- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 269 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

45

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

20

25

35

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

```
ccgcatccta gccgccgact cacacaaggc aggtgggtga ggaaatccag agttgccatg 60
gagaaaattc cagtgtcagc attcttgcgc cttgtggcgc tctcctacaa tctggccagg120
gatagcacag tcaaacctgg agccaaaaag gacaggaagg agtctcgagc caaactgcgc180
cagaccctct ccagaagttg gggtgaacaa ctcatctgga ctcagacgta tgaagaagct240
ctatataaat cgagactagc aactaaccc 269
```

- 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 604 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 30 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

```
tgcgaggcg ggatagctgt ccaaggtctc ccccagcact gaggagctcg cctgctgccc 60
tcttgcgcg gggaagcagc accaagttca cggccaacgc cttggcacta gggtccagaa120
tggctacaac agtccctgat ggttgccgca atggcctgaa atccaagtac tacagacttt180
gtgataaggc tgaagcttgg ggcatcgtcc tagaaacggt ggccacagcc ggggttgtga240
cctcggtggc cttcatgctc actctcccga tcctcgtctg caaggtgcag gactccaaca300
ggcgaaaaat gctgcctact cagtttctct tcctcctggg tgtgttgggc atctttggcc360
tcaccttcgc cttcatcatc ggactggacg ggagcacagg gcccacacgc ttcttcctt420
ttgggatcct cttttccatc tgcttctct gcctgctgc tcatgctgtc agtctgacca480
agctcgtccg ggggaggaag cccctttccc ggttggtgat tctgggtctg gccgtgggct540
tcagcctagt ccaggatgtt atcgctattg aatatattgt cctgacgatg aataggacca600
aggt
```

- 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 781 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

168

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 15 (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

```
ctttaatgtg cctagagcaa tggaatgggg cactttgggg gcggtggaat tcaagacgct 60
     gttctaatcc tcccttacac tcattcctgg tccattgtat tctgaccaca tccttaatca180
25
     tggtcaaaac tattgagtcc tgggcacatt ggtcatgaag gaacaagaag gcaatgagag240
     actictcatge caaceactge cetgaaagee etgetgttea gacageaaag gggeeageac300
     tggccaaget cttatgcttg ctctgaaacc ttcttgggag gagtcaatag ggtctccttt360
     tgaaagtgtc cctggccttt tgagaaagca gtgtggtgga gggagatggt tctggcaggg420
     gccgtgaatg gttgttttct acttgggatt tctttcctgc tttaggagat ctattgggaa480
30
     actgattata accacteggg caccategat geccaegaga tgaggacage ceteaggaag540
     gcaggtttca ccctcaacag ccaggtgcag cagaccattg ccctgcggta tgcgtqcaqc600
     aagcttggca tcaactttga cagcttcgtg gcttgtatga tccqcctqga qaccctcttc660
     aaactattca gccttctgga cgaagacaag gatggcatgg ttcagctctc tctggccgag720
     tggctgtgct gcgtgttggt ctgacccgcc aaacttgacc tagaagatgg ggggggcctc780
35
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

- 40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 304 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

45

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

i) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

```
ggccactgcg gcgagacgcg aggaactgtc gctcgtactc gtgcgcctcg ctttgctttt 60
     cctccgcaac catgtctgac aaacccgata tggctgagat cgagaaattc gataagtcga120
10
     aactgaagaa gacagagacg caaqagaaaa atccactgcc ttccaaagaa acgattgaac180
     aggagaagca agcaggcgaa tcgtaaggag qcqtqcqccq ccaaqtatqc actgagatqc240
     gagaagtgtt gcgtcgaatt tacctgcttg agggggtaaa gttgggaagg tggaaaaggg300
     gtgg
```

169

15

20

5

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1528 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA 25
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT: 35
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

```
40
     aattcggatc catgggccac agtggatggc ttgaaatgtg qctgaqcgct tcggacactt 60
     eggatecatg gtggccacce caagacgege eccagecege catggecegg atceteeggg 120
     atcctgcctt ctgtccctgc tcctggccgg gtttgttccg ccgggccggg gacaagagaa 180
     gtctaagaca gactgccatg gcggtatgag tggtaccatc tacgagtatg gagccctcac 240
     catcgatggg gaggaataca ttccttttaa gcagtatgca ggcaaatata tcctctttgt 300
45
     caacgtagcc agctactgag gtctgacaga ccaatacctt gaactgaatg cactacaaga 360
     agaacttggg ccatttggct tggtcattct gggcttccct tccaaccaat ttggcaaaca 420
     ggagccaggc gagaactcgg agatactccc cagtctcaag tatgttcgac caggtggggg 480
     ctttgtgcct aatttccagc tctttgagaa aggagatgtg aacggggaga aagagcagaa 540
     attetacact tteetgaaga acteetgeee teecactgea gaacteetgg geteacetgg 600
50
     ccqcctcttt tqqqaaccca tqaaqatcca tqacatccqc tqqaactttq aqaaqttcct 660
     ggtggggcca gatggcatac cggttatqcg ctggtaccac cggaccacag tcagcaacgt 720
     caagatggac atcctgtctt acatgaggcg gcaggcagcc ctgagcgcca gggggaagta 780
      actgatgccc ccaccctacc cctaccccct gcccatcatg caagggccga ggaggggctc 840-
      ttcaggaagg aagccacatt cccagtcatt ctacccccac cccagattct ctttcttatt 900
55
      acataaaaga caagcctggc acaactgtgt gtctgaacca ctgtggacac gtgacaattg 960
```

```
teccagtgtg tgcatggcta cacagecaeg tatetgeetg ettgaaaece agggatggte1020
     catctgtgtt tacggcttgg cacaacaccc tcatatttt ttcagctttc tgttccaaat1080
     gagcccaaag gaaacacaag ttctaggtcc aatggttctg ctcaaacctg aacatcattc1140
     ttggggccag catctcccac atgcccacac tacacaccac cagcctcctt cttccttcct1200
     gaaggaccet cetgageece caageceate ceacagtget cetgagacca gecaagacaa1260
     ctgtgagcgc gatggccgtg taccccaggt caggggtggt gtctctatga aggagggcc1320
     cgaagccctt gtgggcgggc ctcccctgag cccqtctqtq qtqccaqccc ttaqtqcatt1380
     caggettagg eteccaggea gggacaetae eeeegegeet etggaggaca tgetateete1440
     tcactctgtc cactggtatc tcaacacccc catctgccca gtaaaggtct ttctgcagca1500
10
     aaaaaaaaa aqaaaaaaa aaaaaaaa
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 499 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung 20 hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN 25
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 30

35

40

45

50

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

ggcaggtete agegetecte eccetgetee geteetetge agggeecagg eqecettqqe 60 cttaggaccc aacttetett accgccatgg agttegacet gggagcagec etggagccca120 cctcccagaa gcccggtgtg ggggcgggcc acgggggaga tcccaagctc agtccccaca180 aagttcaggg ccggtcggag gcaggggcag gtccggggtcc aaagcaagga caccacagct240 cttccqactc cagcagcagc tccagcgatt cggacacgga tgtgaagtcc cacgctgctg300 gctccaagca gcacgagagc atcccgggca aggccaagaa gcccaaagtg aagaagaagg360 agaagggcaa gaaggagaag ggcaagaaga aggaggctcc ccactgaagg gccctggaca420 gggctcatta aaccttcctc tctgcctacg agtaccaacc acctggagct aagatgctta480 ggtgggggg ggccgccga

- 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1396 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

```
gggcacccgt tagttgggaa cagcggaacg ctggtcccgg ggactgagta aggtgtctgg
     ateggaggga ggttcgggtg ggcatcgggc ggctggaaga gctcgactcg tcccgctggg 120
     aaagcgcgag tctgagtgga accctggacg acttgcagag cggctggcgc agtcatggcg 180
     gactactgga agtcacagcc aaagaaattc tgtgattact gcaagtgctg gatagcagac 240
20
     aataggccta gtgttgaatt tcatgaaaga ggaaagaatc ataaggaaaa tgtggcaaaa 300
     aggatcagtg agattaaaca gaaaagcctg gataaggcaa aggaagaaga aaaggcatca 360
     aaggagtttg ctgcaatgga ggcagctgcc ctgaaagcat accaaqagga tttgaaaaga 420
     cttggcttag agtcagaaat tttggagcca agcataacac cagtaaccag cactatccca 480
     cctacctcga catcaaatca acagaaagaa aagaaagaga agaagaaaaa aagatccttc 540
25
     aaagggcaga tgggtagaag gcataacctc tgagggttac cattactatt atgatcttat 600
     ctcaggagca tctcagtggg agaaacctga aggatttcaa ggagacttaa aaaagacagc 660
     agtgaagacc gtttgggtag aaggtttaag tgaagatggt tttacctatt actataatac 720
     agaaacagga gaatccagat gggagaaacc tgatgatttc attccacaca ctagtgatct 780
     gccttctagt aaggtcaatg aaaattcact tggcacccta gatgaatcca aatcatcaga 840
30
     ttcgcatagt gattctgatg gggaacagga agcagaagaa ggaggggtct ctacagagac 900
     agaaaagcca aaaataaagt ttaaggaaaa aaataaaaat agtgatggag gaagtgaccc 960
     agaaacacag aaagaaaaaa gtattcagaa acagaattca ttaggttcaa atgaagaaaa1020
     atcgaaaact cttaagaaat caaacccata tggagaatgg caagaaatta aacaagaggt1080
     tgagtctcat gaggaggtag atttggaact tccaagcact gaaaatgagt atgtatcaacl140
35
     ttcagaagct gatggtggcg gagaacccaa agtggtattt aaagaaaaaa cagtcacttc1200
     tettggagtt atggeagatg gagtggeece agtetteaaa aagagaagaa ettgaaaatg1260
     ggaaaatctt aggaaaattt aagggcaacg aggtgatgat ccaatagttt gcagggagag1320
     cttttttgtt acatgctttt tagggaccag aatggggaga ctttttgcca cccccaagt1380
     ttgtcccgtg ttttgt
```

171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 808 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

40

```
(vi) HERKUNFT:
```

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

```
cctctgtcca ctgctttcgt gaagacaaga tgaagttcac aattgtcttt gctggacttc 60
     ttggagtctt tctagctcct gccctagcta actataatat caacgtcaat gatgacaaca120
     acaatgctgg aagtgggcag cagtcagtga gtgtcaacaa tgaacacaat gtggccaatg180
     ttgacaataa caacggatgg gactcctgga attccatctg ggattatgga aatggctttg240
     ctgcaaccag actctttcaa aagaagacat gcattgtgca caaaatgaac aaggaagtca300
15
     tgccctccat tcaatccctt gatgcactgg tcaaggaaaa gaagcttcag ggtaagggac360
     caggaggacc acctcccaag ggcctgatgt actcagtcaa cccaaacaaa gtcgatgacc420
     tgagcaagtt cggaaaaaac attgcaaaca tgtgtcgtgg gattccaaca tacatggctg480
     aggagatgca agaggcaagc ctgttttttt actcaggaac gtgctacacg accagtgtac540
     tatggattgt ggacatttcc ttctgtggag acacggtgga gaactaaaca atttttaaa600
20
     gccactatgg atttagtcat ctgaatatgc tgtgcagaaa aaatatgggc tccagtggtt660
     tttaccatgt cattctgaaa tttttctcta ctagttatgt ttgatttctt taagtttcaa720
     taaaatcatt tagcattgaa acggagaact ctgcgggcta gtaaccacaa ggtacggagc780
     aaagatcacc caggtgggaa gaggtgga
```

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1139 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 40 (vi) HERKUNFT:

35

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

```
tttttttt tttttttt ttttttgcag caatacctcc tttatttgat ccctgtttat 60 gtccacatat gtactgtatt atcacagatg caactgattt atcatagagc actcagaaaa 120 catggaaaag tattttaaa aatcgaataa tcctattcaa gtcaaccagt gttaaccccg 180 gtgtgcttcc tgccagtctg ttcctcccca tgggagtcac acaaaatgaa aatctcctag 240 aaagagaaat tcctctgtcc tctgacttct tcacttagta cgctgcgacc ttcccatgtt 300 gttcaacatc ctcaactcgg agcgtcactg gctggaggtg gtctataaaat ggaattggct 360
```

```
taactatctc ttcactgaaa ggtggacatt tagggagtgt ccagttttca gctgtcataa 420
     acaactgcct tagacggcaa agaattcaca ggtcaatcgt tcccttcgct ttgaacttct 480
     tcgcagaccg ttcacttgac cgaagctgga atttgctccc gtaaatgtag gaaataaagc 540
     categgttte caeagtgaac acgeagttta gettggggat aacttteagg eggtettett 600
     tggtgataat tttgaaaatg tgctttgttt cctgtagaag gattcctgta atacccacat 660
     aagaggggca tttggatttt gtcactgaaa taatagcccc gtgaagatct gcctttaaga 720
     gcttggcctg aatcatctgt ggctgcgtgt ctggcttgag cccactgcac aggtccctga 780
     tgtactgttt ccagagttca tggagaggga ggaaaaggct gtatctctgc tgctctggtt 840
     taatgtcaaa gagccgcagc tccctccttt gcctggcaga gaagcctttg gctttcttct 900
10
     tetteteett gegettgtgg egggtgaagt acteeaggae cacegeettg egetgeaget 960
     ggtcctcgcg ggcctgcggg ctcatgcggg gcgtctgcgc ttcaggaagg ccctcacgaal020
     ggcctcggcc cgctgtgctc ctgaaggctg gacatcggag tcattcgcct ctttctgaga1080
     caatgcatgg tagatcacac tetteattet eggacegett eeggegetet etgatgaeg 1139
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40: 15

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2177 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT: 30

20

25

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

```
gcccacgcgt ccggtcgccg ccggcagcga acagcagcag cagtcagcct tcattcagga 60
40
     aagacagcca gttgctctca tgcgtttatt gtctttcaat gtgcctcata ttaaaaacag 120
     cacaggagaa ccaatatgga aggtactcat ttatgacaga tttgqccaag atataatctc 180
     tectetgeta tetgtgaagg agetaagaga catgggaate actetgeate tgettttaca 240
     ctctgatcga gatcctattc cagatgttcc tgcagtatac tttgtaatgc caactgaaga 300
     aaatattgac agaatgtgcc aggatcttcg aaatcaacta tatgaatcat attatttaaa 360
45
     ttttatttct gctatttcaa gaagtaaact ggaagatatt gcaaatgcag cgttagcagc 420
     tagtgcagta acacaagtag ccaaggtttt tgaccaatat ctcaatttta ttactttgga 480
     agatgatatg tttgtattat gtaatcaaaa taaggagctt gtttcatatc gtgccattaa 540
      caggccagat atcacagaca cggaaatgga aactgttatg gacactatag ttgacagcct 600
      cttctgcttt tttgttactc tgggtgctgt tcctataatc agatgttcaa gaggaacagc 660
50
      agcagaaatg gtagcagtga aactagacaa gaaacttcga gaaaatctaa gagatgcaag 720
      aaacagtctt tttacaggtg atacacttgg agctggccaa ttcagcttcc agaggccctt 780
      attagteett gttgacagaa acatagattt ggcaacteet ttacateata ettggacata 840
      tcaagcattg gtgcacgatg tactggattt ccatttaaac agggttaatt tggaagaatc 900
      ttcaggagtg gaaaactctc cagctggtgc tagaccaaag agaaaaaaca agaagtctta 960
55
      tgatttaact ccggttgata aattttggca aaaacataaa ggaagtccat tcccagaagt1020
      tgcagaatca gttcagcaag aactagaatc ttacagagca caggaagatg aggtcaaacg1080
```

```
acttaaaagc attatgggac tagaagggga agatgaagga gccataagta tgctttctgall40
     caataccgct aagctaacat cagctgttag ttctttgcca gaactccttg agaaaaaaag1200
     acttattgat ctccatacaa atgttgccac tgctgtttta gaacatataa aggcaagaaa1260
     attggatgta tattttgaat atgaagaaaa aataatgagc aaaactactc tggataaatc1320
     tottotagat ataatatoag accordatgo aggaactoca gaagataaaa tgaggttgtt1380
     tcttatctat tatataagca cacagcaagc accttctgag gctgatttgg agcaatataa1440
     aaaagettta aetgatgeag gatgeaaeet taateettta eaatatatea aacagtggaa1500
     ggcttttacc aagatggcct cagctccggc cagctatggc agcactacca ctaaaccaat1560
     gggtctttta tcacgagtca tgaatacagg atcacagttt gtgatggaag gagtgaagaa1620
10
     cctggttttg aaacagcaaa atctacctgt tactcgtatt ttggacaatc ttatggagat1680
     gaagtcaaac cccgaaactg atgactatag atattttgat cccaaaatgc tgcggggcaa1740
     tgacagetea gtteecagaa ataaaaatee atteeaagag geeattgttt ttgtggtggg1800
     aggaggcaac tacattgaat atcagaatct tgttgactac ataaagggga aacaaggcaa1860
     acacatttta tatggctgca gtgagctttt taatgctaca cagttcataa aacagttgtc1920
15
     acaacttgga caaaagtaac acagaagaac cttactatga taatctactt ggaatgtgga1980
     taaatgtaaa aagaagaaaa gttagaagag caatatgttt ccttctctgt aacagtgtcc2040
     taacagtgaa aatcagagtt atttgttaat ttttaaggaa attatatact taatatqtat2100
     tgattaaaag aaacatttca gaaataaaat ttcaacattg taaaaaaaaa gtcggctacc2160
     tacacggata atatcgc
                                                                       2177
20
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 402 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung 30 hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

```
ggcgcaggcc ccagccagct caggctacac tatcccagga tcagcatggc cqtccqccaq 60
     tgggtaatcg ccctggcctt ggctgccctc cttgttgtgg acagggaagt gccagtggca120
     gcaggaaagc tecetttete aagaatgeee atetgtgaac acatggtaga gtetecaace180
     tgttcccaga tgtccaacct ggtctgcggc actgatgggc tcacatatac gaatgaatgc240
50
     cagctctgct tggcccggat aaaaaccaaa caggacatcc agatcatgaa agatggcaaa300
     tgctgatccc acaggagcac ctcaagccat gaagtgtcag ctggagaaca gtggtgggca360
     tggagaggat atgacatgaa ataaaagatc cagcccaact ga
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

40

45

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1349 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 20

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

```
cttcttttgc catcccattt ccttggcact gcaccatttc cccaattatt ggccaatccc 60
     taggetttet gggttttaca atggttgega ceacaateag geteatagat ggeteeaatt 120
25
     taaaaaaaaa ggtaatggtg atggataaaa taagcagatc aagggaagtg tgctatcata 180
     aaataactgt agcttcaaca tcttgagtac cagtttcctg gcagatagta aacatccaat 240
     cacaagggat ttttcctgaa gggtqtaaag ctggtttqaa aattcttcag tcacagagca 300
     geetacaeat geeaattaga aactgacaga cactagatgt gettggaaga ttaaacaeta 360
     cgtacagaaa cagcagttac taagctcctc agtagtttct tgtctttttt aagtttcgct 420
     gaatcgacag tttgcacaac gtgctatatt ctgtgggtca aaaccaagta aatactgtgt 480
30
     aaagttggca gatttttcca gctaagatca agaaaaaaca aattttctga taaaacaggt 540
     ttagagtcag aaacactctc taaagtgcaa aactgatggt ccacgatctc aaatagctaa 600
     aactcctgca gaatggaagg gagagacgtg aaacagggaa ataaattaca gtcagtgcta 660
     gttaatttag gaaaagggaa aaataaacca aactcaagtc ggtaaagttt atcaaaatat 720
35
     tcaatgatgt agettteece actetetgte acacaegett getaacaagt atattaaatt 780
     aaggccaaat ttaacctgaa tgcgtttttt tttttctttt tattaagatc tgagatagga 840
     acggtcatac ttagtactga aaggcagaca ataaaatggg ccatgaaagg ggggggaaag 900
     gtactgicta tigticgagg gaticaacca gagataaaac ctatatacaa gcaigtgigt 960
     agctcgaaat aaaaataaaa ggactatttc atgtcatgac tgcttgttgg cttcctcttc1020
40
     atatgcattc cctgtgccat tctgtacata ggatgaacca gaaccaaggc catacaaatg1080
     accacaatat ttggcatcat caatatgatc ttcaaagaac atttctctca ttttgaaaaa1140
     ggccatteet gtgagcaatg aatcagatee tgeetgatgt tgtggteeta teegtteeag1200
     ctctaactgt tctgccacct cctgtaatcc acctttgaga tttttcctgt catttatgat1260
     gtgaagtacc tcatgaagag ctgcaaaaat ctctaactgt tctgccacct cctgtaattg1320
45
     cgagtcagtg attgacgaaa taatagtgc
```

- 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 3552 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

```
15
     atttaatctt cattcttcta ctatccccaa tcctaatttc aatatcaaac ctaattaaac 60
     acatcaactt cccactgtac accaccacat caatcaaatt ctccttcatt attagcctct 120
     tacccctatt aatattttc cacaataata tagaatatat aattacaacc tggcactgag 180
     tcaccataaa ttcaatagaa cttaaaataa gcttcaaaac tgactttitc tctatcctgt 240
20
     ttacatctqt agcccttttt qtcacatqat caattataca attctcttca tqatatatac 300
     actcagaccc aaacatcaat cgattcatta aatatcttac actattcctg attaccatgc 360
     ttatcctcac ctcagccaac aacatatttc aacttttcat tggctgagaa ggggtgggaa 420
     ttatatcttt cctactaatt ggatgatggt acggacgaac agacgcaaat actgcagccc 480
     tacaagcaat cctctataac cgcatcggag acatcggatt cattttagct atagtttgat 540
25
     tttccctaaa cataaactca tgagaacttc aacagattat attctccaac aacaacgaca 600
     atctaattcc acttataggc ctattaatcg cagctacagg aaaatcagca caatttggcc 660
     tecacecatg actaceatea geaatagaag geectacace agttteagea etactacaet 720
     caagtacaat agtagttgca ggaattttcc tactggtccg attccacccc ctcacgacta 780
     ataataactt tattttaaca actatacttt gcctcgqagc cctaaccaca ttatttacag 840
30
     ctatttgtgc tctcacccaa aacqacatca aaaaaatcat tgccttctct acatcaagcc 900
     aactaggcct gataatagtg acgctaggaa taaaccaacc acacctagca ttcctacaca 960
     tetgtaceca egeattette aaagetatae tetttatatg etetggetea ateatteata1020
     gcctggcaga cgaacaagac atccgaaaaa taggaaacat cacaaaaatc ataccattca1080
     catcatcatg cctagtaatc ggaagcctcg ccctcacagg aataccattc ctaacagggt1140
35
     tctactcaaa agacctaatt attgaagcaa ttaatacctg caacaccaac gcctgagccc1200
     tactaattac actaatcgcc acttctataa cagctatgta cagcatacga atcatttact1260
     tcgtaacaat aacaaaaccg cgttttcccc ccctaatctc cattaacgaa aatgacccag1320
     acctcataaa cccaatcaaa cgcctagcat tcggaagcat ctttgcagga tttgtcatct1380
     catataatat tccaccaacc agcattccag tcctcacaat accatgattt ttaaaaacca1440
40
     cagccctaat tatttcagta ttaggattcc taatcgcact agaactaaac aacctaacca1500
      taaaactatc aataaataaa gcaaatccat attcatcctt ctcaacttta ctggggtttt1560
      teccatetat tatteacege attacaceca taaaatetet caacetaage etaaaaacat1620
      ccctaactct cctagacttg atctggttag aaaaaaccat cccaaaatcc acctcaactc1680
      ttcacacaaa cataaccact ttaacaacca accaaaaagg cttaattaaa ttgtacttta1740
45
      tatcattcct aattaacatc atcttaatta ttatcttata ctcaattaat ctcgagtaat1800
      ctcgataata ataaaaatac ccgcaaacaa agatcaccca gctactacca tcattcaagt1860
      agcacaacta tatattgccg ctaccccaat ccctccttcc aacataactc caacatcatc1920
      aacctcatac atcaaccaat ctcccaaacc atcaagatta attactccaa cttcatcata1980
      ataattaagc acacaatta aaaaaacctc tataatcacc cccaatacta aaaaacccaa2040
50
      aattaatcag ttagatcccc aagtctctgg atattcctca gtagctatag cagtcgtata2100
      tccaaacaca accaacatcc cccctaaata aattaaaaaa actattaaac ctaaaaacga2160
      tccaccaaac cctaaaacca ttaaacaacc aacaaaccca ctaacaatta aacctaaacc2220
      tccataaata qqtqaaqqct ttaatqctaa cccaaqacaa ccaaccaaaa ataatqaact2280
      taaaacaaaa atataattat tcattatttc tacacagcat tcaactgcga ccaatgacat2340
55
      gaaaaatcat cgttgtaatt caactacaga aacaccattc ggatccatga aaaacacacc2400
      cattattaa aattattaac cactcattca ttgacctacc tgccccatcc aacatttcat2460
      catgatgaaa ctttgggtcc cttctaggag tctgcctaat agtccaaatc attacaggtc2520
      ttttcttagc catacactac acatcagata caataacagc cttttcatca gtaacacaca2580
      tttgtcgaga cgtaaattac gggtgactaa tccgatatat acacgcaaac ggagcctcaa2640
```

```
tattttttat ttgcttattc cttcatgtcg gacgaggctt atattatgga tcatatacat2700
     ttatagaaac ctgaaacatt ggagtacttc tactgttcgc agtcatagcc acagcattta2760
     taggctacgt ccttccatga ggacaaatat cattctgagg tgccacagtt attacaaacc2820
     tcctatcagc catcccatat attggaacaa ccctagtcga atgaatttga gggggcttct2880
     cagtagacaa agccaccttg acccgattct tcgctttcca cttcatctta ccatttatta2940
     tcgcggccct agcaatcgtt cacctcctct tcctccacga aacaggatca aacaacccaa3000
     caggattaaa ctcagatgca gataaaattc catttcaccc ctactataca atcaaagata3060
     tcctaggtat cctaatcata ttcttaattc tcataaccct agtattattt ttcccagaca3120
     tactaggaga cccagacaac tacataccag ctaatccact aaacacccca ccccatatta3180
10
     aacccgaatg atatttccta tttgcatacg ccattctacg ctcaatcccc aataaactag3240
     gaggtgtcct agccttaatc ttatctatcc taattttagc cctaatacct ttccttcata3300
     cctcaaagca acgaagccta atattccgcc caatcacaca aattttgtac tgaatcctaq3360
     tagccaacct acttatctta acctgaattg ggggccaacc agtagaacac ccatttatta3420
     tcattggcca actagcctcc atctcatact tctcaatcat cttaattctt ataccaatct3480
15
     caggaattat cgaagacaaa atactaaaat tatatccata aaaaaaaaac acgatcggtt3540
     gacatatagg gc
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

- 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 601 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

25

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 35 **(C) ORGAN**:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

```
tttttttt tttttttt tgcaattcaa atgaacgtt atttctaaa cccacacaga 60 gtaagggcag agcttagaga tgcctggcac agcattctc atccaggatc acttcctcgt120 tctttcttct ttgctgggag catcttagat ttatatcatt ttctacaaag acaatatcct180 gaatggcagt cgcaggttta tttcaaagtt ggagtcttct caggaagtag gggagactgg240 attcccagct aatggaattt tcactgtgat gtctgtgttc tcagtgaatt cttccagaaa300 gccggaggag actgtctcaa catcagtaga gaactcagaa ttctgtttgt ttgcggctgg360 cgtgaagtcc atgatctgct cagagtcagt gcttaaatca tcatctgtat aatcctctag420 aggagctttt gtccctctgt atgatcccag ttggtcaaag actgagtta gtaggtcaat480 gattgaattc tgtagttct tattgattga aactaattct gacagggga aagccacagt540 cagaccacag aagacagtga tcaccaggac cttgaaaagc atcatgctt agtaggtta600 a
```

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2147 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 15 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

```
agaaggggaa caaaaaaaaa aatatctgaa ttttgaaaaa ccacaaagct acaacactga 60
25
     ccctctcttt tttttgagac ggagttttgc tcttgttacc caggctggag tgcagtggcg 120
     tgatcttggc tcactgcaac ttccgtctcc cgggttcaag tgattctcct gcctcagcct 180
     cccaagtagc tgggtttata ggtgcccgcc accagacccg qctaattttt tagttttagt 240
     agagacgggg tttcaccacg ttggccaggc tgqtcttaaa tqaccctctt atttttaact 300
     tggatacctg ctattctgcc aaaagacaat ttctagagta gttttgaatg ggttgatttc 360
30
     ccccactccc acaaactctg aagccagtgt ctagcttact aaaaaaagag ttgtatataa 420
     tatttaagat gctgagtatt tcataggaaa gctgaatgct gctgtaaagt gctctttaag 480
     tcttttttt ttttaatccc cttctaatga atgaaactag gggaatttca ggggacagag 540
     atgggatttg ttgtatgata aactgtatgt agtttttagt ctttctgttt tgagaagcag 600
     tggttggggc atttttaaga tggctggcta ctcttgtttt ccctcatgat aataaatttg 660
35
     tcataactca gtaacatgaa cttgccccta gaggtagttg ttaataattt tgaaatatta 720
     aggtettgee aagettetga tgatteacae etgtaetaet gattattaag eaggaeagae 780
     tgagctttct gttgcaaata ccttggagga gaaaqtaatt tctaaatata caqaqqqta 840
     acttgactat atatgttgca tcctgtgcct cccttcatat taatatttga taaagatttt 900
     aatttatgta aaacttctaa agcagaatca aagctcctct tggggaaatg gcaagtcttt 960
     aggataggca agaccctgta tgaatagtac caaagcatta ccgcatggta gagaacacac1020
40
     tcgattaaaa atgttaagct atctgaaaaa taaaatgtgc aagtcttcag gatggcacaal080
     aacaaaggtt aatgcttctt ggggcacatt tcttagaggg cttgctgagt gtgtaaatat1140
     aatcgacttt tgtttgtgtt acatgactic tgtgacttca ttgaaaatct gcacaattca1200
     gtttcagctc tggattactt cagttgacct ttgtgaaggt ttttatctgt gtagaatggg1260
45
     tgtttgactt gttttagcct attaaatttt tattttcttt cactctgtat taaaagtaaa1320
     acttactaaa agaaaagagg tttgtgttca cattaaatgg ttttggtttg gcttctttta1380
     gtcaggcttt ctgaacattg agatatcctg aacttagagc tcttcaatcc taagattttc1440
     atgaaaagcc tctcacttga acccaaacca gagtactctt actgcctctt ttctaaatgt1500
      tcaggaaaag cattgccagt tcagtctttt caaaatgagg gagaaacatt tgcctgcctt1560
50
      gtaataacaa gactcagtgc ttatttttta aactgcattt taaaaattgg atagtataat1620
     aacaataagg agtaagccac cttttatagg caccctgtag ttttatagtt cttaatctaal680
     acattttata tttccttctt ttggaaaaaa cctacatgct acaagccacc atatgcacag1740
      actatacagt gagttgagtt ggctctccca cagtctttga ggtgaattac aaaagtccag1800
     ccattatcat cctcctgagt tatttgaaat gattttttt gtacattttg gctgcagtat1860
55
      tggtggtaga atatactata atatggatca tctctacttc tgtatttatt tatttattac1920
      tagacctcaa ccacagtctt ctttttcccc ttccacctct ctttqcctqt aggatgtact1980
      gtatgtagtc atgcactttg tattaatata ttagaaatct acagatctgt tttgtacttt2040
```

```
ttatactgtt ggatacttat aatcaaaact tttactaggg tattgaataa atctagtctt2100 actagaaaat aaaaaaaaaa aaaaaaaaa ctcaagacta gttctct 2147
```

- 5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 623 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 20 (vi) HERKUNFT:

10

15

25

40

45

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:
- cccacgcgtc cccggaaacg gcggcggcgg cgacaggacc gaggggcctt agttggtggg 60
 caagtcgggg atcccagaaa gagaagcgtg acccggaagc ggaaacgggt gtccgtcca120
 gctccggcct gccagtgagc ttctaccatc atggacctat tgttcgggcg ccggaagacg180
 ccagaggagc tactgcggca gaaccagagg gccctgaacc gtgccatgcg ggagctggac240
 cgcgagcgac agaaactaga gacccaggag aagaaaatca ttgcagacat taagaagatg300
 gccaagcaag gccagatgga tgctgtcgc atcatggcaa aagacttggt gcgcaccgg360
 cgctatgtgc gcaagttgt attgatgcgg gccaacatcc aggctgtgtc cctcaagatc420
 cagacactca agtccaacaa ctcgatggca caagccatga aggstgtcac caaggccatg480
 ggcaccatga acagacagct gaagttgccc cagatccaga agatcatgat ggagtttgag540
 cggcaggcag agatcatgga tatgaaggag gagaggattg aattgttgca tttgatgatc600
 ccgtgggttt tggggaagtt tta
 - 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 781 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

30

45

```
(iii) ANTI-SENSE: NEIN
```

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

```
gcgggtatat tgcaagcttg aaaaactaaa agatctgtga aagatgctgc caagaagggc 60
     cagaaggatg tctgcatagt tctggccaag gagatgatca ggtcaaggaa ggctgtgagc120
    aagetgtatg catecaaage acacatgaae teagtgetea tggggatgaa gaaceagete180
15
    gcggtcttgc gagtggctgg ttccctgcag aagagcacag aagtgatgaa ggccatgcaa240
    agtcttgtga agattccaga gattcaggcc accatgaggg agttgtccaa agaaatgatg300
     aaggctggga tcatagagga gatgttagag gacacttttg aaagcatgga cgatcaggaa360
     gaaatggagg aagaagcaga aatggaaatt gacagaattc tctttgaaat tacagcaggg420
     gccttgggca aagcacccag taaagtgact gatgcccttc cagagccaga acctccagga480
20
     gcgatggctg cctcagagga tgagggggag gaggaagagg ctctggaggc catgcagtcc540
     cggctggcca cactccgcag ctaggggctg cctaccccgc tgggtgtgca cacactcctc600
     tcaagagetg ccattttatg tgtetettge actacacete tgttgtgagg actaceattt660
     tggagaaggt tctgtttgtc tcttttcatt ctctgcccag gttttgggat cgcaaaggga720
     25
                                                                  781
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1714 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

gttgcgacat gcagtgcgcc ggaggaactg tgctctttga ggccgacgct aggggcccgg 60
aagggaaact gcgaggcgaa ggtgaccggg gaccgagcat ttcagatctg ctcggtagac 120
ctggtgcacc accaccatgt tggctgcaag gctggtgtgt ctccggacac taccttctag 180
ggttttccac ccagctttca ccaaggcctc ccctgttgtg aagaattcca tcacgaagaa 240

```
tcaatggctg ttaacaccta gcagggaata tgccaccaaa acaagaattg ggatccggcg 300
     tgggagaact ggccaagaac tcaaagaggc agcattggaa ccatcgatgg aaaaaatatt 360
     taaaaattgat cagatgggaa gatggtttgt tgctggaggg gctgctgttg gtcttggagc 420
     attgtgctac tatggcttgg gactgtctaa tgagattgga gctattgaaa aggctgtaat 480
     ttggcctcag tatgtcaagg atagaattca ttccacctat atgtacttag cagggagtat 540
     tggtttaaca gctttgtctg ccatagcaat cagcagaacg cctgttctca tgaacttcat 600
     gatgagaggc tcttgggtga caattggtgt gacctttgca gccatggttg gagctggaat 660
     gctggtacga tcaataccat atgaccagag cccaggccca aagcatcttg cttggttgct 720
     acattetggt gtgatgggtg cagtggtgge teetetgaca atattagggg gteetettet 780
10
     catcagaget geatggtaca cagetggeat tgtgggagge etetecaetg tggeeatgtg 840
     tgcgcccagt gaaaagtttc tgaacatggg tgcacccctg ggagtgggcc tgggtctcgt 900
     ctttgtgtcc tcattgggat ctatgtttct tccacctacc accgtggctg gtgccactct 960
     ttactcagtg gcaatgtacg gtggattagt tcttttcagc atqttccttc tqtatgatac1020
     ccagaaagta atcaagcgtg cagaagtatc accaatgtat ggagttcaaa aatatgatcc1080
     cattaactcg atgctgagta tctacatgga tacattaaat atatttatgc gagttgcaac1140
     tatgctggca actggaggca acagaaagaa atgaagtgac tcagcttctg gcttctctgc1200
     tacatcaaat atcttgttta atggggcaga tatgcattaa atagtttgta caagcagctt1260
     tcgttgaagt ttagaagata agaaacatgt catcatattt aaatgttccg gtaatgtgat1320
     gcctcaggtc tgccttttt tctggagaat aaatgcagta atcctctccc aaataagcac1380
20
     acacattttc aattctcatg tttgagtgat tttaaaatgt tttggtgaat gtgaaaacta1440
     aagtttgtgt catgagaatg taagtctttt ttctacttta aaatttagta ggttcactga1500
     gtaactaaaa tttagcaaac ctgtgtttgc atatttttt ggagtgcaga atattgtaat1560
     taatgtcata agtgatttgg agctttggta aagggaccag agagaaggag tcacctgcag1620
     tcttttgttt ttttaaatac ttaggaactt agcacctggg gttatttgga ttaggtgagg1680
25
     gageceggta ggaacageeg ggtattgggg aaca
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 831 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

```
caccccage ceetgetetg aggeacegag aaacgaggag geeegtggeg agtetecaeg 60
tgggtacegg egetetegge geeegtagee accegeeege eggaageega catetegagt120
tetggeagaa geaatttgeg eggegaggag eggaeggea ggaaceeaat aagetgette180
geeteggage tgaageeegt acteaagatg geggeteegg gegggegtgg ceagtgacta240
55 gaaggegagg egeegegga ecatggegge ggeggeggae gageggagte cagaggaegg300
agaagaegag gaagaggagg ageagttggt tetggtggaa ttateaggaa ttattgatte360
```

```
agacttcctc tcaaaatgtg aaaataaatg caaggttttg ggcattgaca ctgagaggcc420 cattctgcaa gtggacagct gtgtctttgc tggggagtat gaagacactc tagggacctg480 tgttatattt gaagaaaatg ttgaacatgc tgatacagaa ggcaataata aaacagtgct540 aaaatataaa tgccatacaa tgaagaagct cagcatgaca agaactctcc tgacagagaa600 gaaggaagga gaagaaaaca taggtggggt ggaatggctg caaataaagg ataatgattt660 ctcctatcga cccaacatga tttgtaactt tctacatgaa aatgaagacg aagaagtggt720 agcttcagcc ccagataaat ctttggaatt ggaagaggaa gagattcaaa tgaaccaccg780 gttcaaaccg gggtttgttg aaccgggga acccattgcg ccttgggaat t
```

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 744 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
- 15 (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 25 (vi) HERKUNFT:

30

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

```
tgaagttcta agagctttcc aagtttggga aggtgtccgg gttttctgcg attacttctc 60
35
     tgagcatgaa cggaagtcac cctttgtgcc ttatgcggtg attttaatga taggtgtcat120
     atataggacg gagtaatctg tttacattct gttcttctcg atgcactcac aagcgggtaal80
     ctaggtgaca agaaaacaaa gatcttattc aaaagaggtc ttacagcaac ccaacgtctc240
     atcttcccat agtaaagatg acggcgcctt gaggtaagct acaggcaaca ccacttccgc300
     gtttctcttg cgccctggtc caagatggcg gatgaagcca cgcgacgtgt tgtgtctqaq360
     atcccggtgc tgaagactaa cgccggaccc cgagatcgtg agttgtgggt gcagcgactg420
40
     aaggaggaat atcagtccct tatccggtat gtggagaaca acaagaatgc tgacaacgat480
     tggttccgac tggagtccaa caaggaagga actcggtggt ttggaaaatg ctggtatatc540
     catgacetee tgaaatatga gtttgacate gagtttgaca tteetateae atateetaet600
     actgccccag aaattgcagt tcctgagctg gatggaaaga cagcaaagat gtacaggtag660
      gactgaatag gagatggcaa agagtcaaag aaagccttaa ggaagaactt cgtggcggga720
45
     gggagagcat caggaagagt agct
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID ÑO: 51:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2017 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 15

55

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

```
tgcgacccga ggcgccgagc aagatggcgg cgcgagtgct gcgcgcccgc ggaggcgctg 60
     ggccggcggc ctcctgcagc gggcggcccc ctgcagcctc ctgcccaggc tccggacatg 120
20
     gacatettee ageaacagat etegagaaga cagetggeta aaateettat ttgteeggaa 180
     agttgatcca agaaaagatg cccactccaa tctcctagcc aaaaaqgaaa caagcaatct 240
     atacaaatta cagtttcaca atgttaaacc ggaatgccta gaagcataca acaaaatttg 300
     tcaagaggtg ttgccaaaga ttcacgaaga taaacactac ccttgtactt tggtggggac 360
     ttggaacacg tggtatggcg agcaggacca agctgtccac ctctqqaqqt atgaaqqaqq 420
25
     ctatccagcc ctcacagaag tcatgaataa actcagagaa aataaggaat ttttggaatt 480
     tegtaaggea agaagtgaca tgettetete caggaagaat cageteetgt tggagtteag 540
     tttctggaat gagcctgtgc caagatccgg acctaatata tatgaactca ggtcttacca 600
     actccgacca ggaaccatga ttgaatgggg caattactgg gctcgtgcaa tccgcttcag 660
     acaggatggt aacgaagccg tcggaggatt cttctctcag attgggcagc tgtacatggt 720
30
     gcaccatctt tgggcttaca gggatcttca gaccagggaa gacatacgga atgcagcatg 780
     gcacaaacat ggctgggagg aattggtata ttacacagtt ccacttattc aggaaatgga 840
     atccagaatc atgatcccac tgaagacctc gcccctccag taaagctgta gagtttctat 900
     gtgcctacat acatttctgt gacaagtatt tgtcgtaaat taattttaat tgtgtatcaa 960
     gtgaaaaaga aacactgagg ttttaagctg ctgtatatag cttgtgagaa acctcttttc1020
35
     tttaaaattt acataatcac aagaaaggaa agaattacag ttggactgat tgtgacagtg1080
     ccttgtcgtc ctctttgaaa caccccgtgt tgtccagtat accttataac acttagccac1140
     ttctccccac cctccagaag gggtccacgt tgaattctga atcatcttga aaataaqatt1200
     ccaaccacaa aaaaaattta gccatttctt tactaaaaaa aaccaaaaaa caaatctgtt1260
     ttataatcac agatttttag acaaatttct tgtatcagga agaaatacaa attttgtcat1320
40
     gtttctcaag cagtttttct gagtagtttc tgaggaggaa caaattacaa gtgtacccaa1380
     taactgaaaa tgttttaact cactctcatt tgtaagcagt ccacatagta gacaatgggt1440
     tttccaagct gggcaaggta catttaatca gtaaatcagt ttcacatcat gtattgtgat1500
     gtttcaatgt gagacacaaa aacaatggct tgaaacttgt gtatcatatg tgattttgaa1560
     atgaacacct tgaatagcac taatttttat ttgtggtatt tttctataac aaaacaagta1620
45
     gctctaggaa aagaggtttt attttgtaaa cgatcatttg tgacctcaga cactctctgg1680
     ctaatatttt aataagctca cagcagataa ttctgagatc atgggtgagg ggtggtgcat1740
     gttgagattt aaattggcat aaagctgcat actttttgtc tagctgtttg atttcatttt1800
     ttaatatagt atgccaattt tgtgactgtt accatgtgaa agtcctgttg aaatgaacaa1860
      ttgtctgccc cacaatcaag aatgtatgtg taaagtgtga ataaatctca tatcaaatgt1920
      caaactttta catgtgaatg attttctcaa agaacataga aaagtcaata aaatcctctt1980
50
      aatttccaca aaaaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaaa
```

- 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 856 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

15

40

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

20 egeagtgege aggegtgggg eteteteett gteagtegge geegegtgeg ggetggtgge 60 tctgtggcag cggcggcggc aggactccgg cactatgagc ggcttcagca ccgaqqaqcq120 cgccgcccc ttctccctgg agtaccgagt cttcctcaaa aatgagaaag gacaatatat180 atctccattt catgatattc caatttatgc agataaggat gtgtttcaca tggtagttga240 25 agtaccacgc tggtctaatg caaaaatgga gattgctaca aaggaccctt taaaccctat300 taaacaagat gtgaaaaaag gaaaacttcg ctatgttgcg aatttgttcc cgtataaagg360 atatatetgg aactatggtg ccatecetea gaettgggaa gaeceaggge acaatgataa420 acatactggc tgttgtggtg acaatgaccc aattgatgtg tgtgaaattg gaagcaaggt480 atgtgcaaga ggtgaaataa ttggcgtgaa agttctaggc atattggcta tgattgacga540 30 aggggaaacc gactggaaag tcattgccat taatgtggat gatcctgatg cagccaatta600 taatgatatc aatgatgtca aacqqctgaa acctggctac ttaqaagcta ctgtggactg660 gtttagaagg tataaggttc ctgatggaaa accagaaaat gagtttgcgt ttaatgcaga720 atttaaagat aaggactttg ccattgatat tattaaaagc actcatgacc attggaaagc780 attagtgact aagaaaacga atgggaaaag gatcatgttg attgttcaac ttttcgttgg840 35 gcccctcaaa gtgtgc

- 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 540 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

PCT/DE99/01087

```
(C) ORGAN:
```

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

```
gcatagacaa agggcctcag aatcgcgcag gcgcaattqt gccctqqttc qccaaqatqt 60
    cgttcccaaa gtataagccg tcgagcctgc gcactctgcc tgagaccctc gacccagccg120
10-
    aatacaacat atctccggaa acccggcggg cgcaagcgag cggttggcca taagagccca180
    gctgaaacga gagtacctgc ttcagtacaa cgatcccaac cgccgagggc tcatcgaaaa240
    teetgeettg ettegttggg cetatgeaag aacaataaat gtetateeta attteagace300
    cactcctaaa aactcactca tgggagctct gtgtggattt gggcccctca tcttcattta360
     ttatattatc aaaactgaga gggataggaa agaaaaactt atccaggaag gaaaattgga420
15
     tcgaacattt cacctctcat attaagtctg gcaatgatga ctatatgtat tcctgcctaa480
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1912 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

25

30

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 35 (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54: 40

```
tgtgtgaggc ccaacagcgg aatcatcgat gcaggggcct gaattaatgt atctgtgatg 60
     ttacagcctt tcgattatga tcccaatgag aaaagtaaac acaggttatg gttcagtcta 120
     tgtttgctcc aactgacact tcagatatgg aagcagtatg gaaggaggca aaaccggaag 180
45
     accttatgga ttcaaaactt agatgtgtgt ttgaattgcc agcagagaat gataaaccac 240
     atgatgtaga aataaataaa attatatcca caactgcatc aaagacagaa acaccaatag 300
     tgtctaagtc tctgagttct tctttggatg acaccgaagt taagaaggtt atggaagaat 360
     gtaagaggct gcaaggtgaa gttcagaggc tacgggagga gaacaagcag ttcaaggaag 420
     aagatggact gcggatgagg aagacagtgc agagcaacag ccccatttca gcattagccc 480
     caactgggaa ggaagaaggc cttagcaccc ggctcttggc tctggtggtt ttgttcttta 540
     tcgttggtgt aattattggg aagattgcct tgtagaggta gcatgcacag gatggtaaat 600
     tggattggtg gatccaccat atcatgggat ttaaatttat cataaccatg tgtaaaaaga 660
     aattaatgta tgatgacate teacaggtet tgeetttaaa ttaceeetee etgeacacae 720
     atacacagat acacacaca aaatataatg taacgatCtt ttagaaagtt aaaaatgtat 780
```

```
agtaactgat tgagggggaa aagaatgatc tttattaatg acaagggaaa ccatgagtaa 840
     tgccacaatg gcatattgta aatgtcattt taaacattgg taggccttgg tacatgatgc 900
     tggattacct ctcttaaaat gacaccette etegeetgtt ggtgetggee ettggggage 960
     tggagcccag catgctgggg agtgcggtca gctccacaca gtagtcccca cgtggcccac1020
5
     teceggeeca ggetgettte egtgtettea gttetgteea ageeateage teettgggae1080
     tgatgaacag agtcagaagc ccaaaggaat tgcactgtgg cagcatcaga cgtactcgtc1140
     ataagtgaga ggcgtgtgtt gactgattga cccagcgctt tggaaataaa tggcagtgct1200
     ttgttcactt aaagggacca agctaaattt gtattggttc atgtagtgaa gtcaaactgt1260
     tattcagaga tgtttaatgc atatttaact tatttaatgt atttcatctc atgttttctt1320
10
     attgtcacaa gagtacagtt aatgctgcgt gctgctgaac tctgttgggt gaactggtat1380
     tgctgctgga gggctgtggg ctcctctgtc tctggagagt ctggtcatgt ggaggtgggg1440
     tttattggga tgctggagaa gagctgccag gaagtgtttt ttctgggtca gtaaataaca1500
     actgtcatag ggagggaaat tctcagtagt gacagtcaac tctaggttac cttttttaat1560
     gaagagtagt cagtetteta gattgttett ataccaeete teaaccatta etcacaette1620
15
     cagcgcccag gtccaagtct gagcctgacc tccccttggg gacctagcct ggagtcaggal680
     caaatggatc gggctgcaga gggttagaag cgagggcacc agcagttgtg ggtggggagc1740
     aagggaagag agaaactctt cagcgaatcc ttctagtact agttgagagt ttgactgtga1800
     attaatttta tgccataaaa gaccaaccca gttctgtttg actatgtagc atcttgaaaa1860
     gaaaaattat aataaagccc caaaattaag aaaaaaaaa aaaaaatact gc
20
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1962 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 40

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:

```
atgaaaatgg ctgcaattac aacaagaagt gaaggaagag gactggtgac attatctctg 720
     aaggatgcag ttgaggttga tccaggttta tccgaatgtg ctacctttct gagccttaaa 780
     ccttcatctc tcaqqtqccq attttcttct qataqcttca tcatttctcc ctqaaqtctt 840
     ttacactctt ccattagttt ccttgtttcg gtatcattaa gtgaaacact gtgtggtttt 900
     ggcataggtc catcttgctt agatgcattc agtggaacag ctttgctagg ttccatatca 960
     ttcaatttat cattttcatt gggcatttca aatacgcatc tcaatttgga atccattaat1020
     tcatcaggtt ttgcctcttt ccacacagct tccatatctg aagtgtttgg tggagcaaaa1080
     attgtctgta ccataaactt gtgtttactc ttttcattcg gatcatagtc aaagggctgt1140
     agcattactg aaacagtcac agttgaccct gggtcaataa ttccactqtt gqqcctcaca1200
     cagtaccggc gaggtgctgt agtcttcact ttqaaacaca cttttctatc cqatqqattt1260
     cgcaatttaa gatttgtagt gactacatct gtgaaggggc ctttgaattt gaggtctgtg1320
     ggcggatcga ggaccaggat ctgctcgtct tcgccatggc ccctgaggcg gacgccatcg1380
     gagagacagc gcagagcagg gggcggcttg ctcgctgggg gcgggggacg atggcgagag1440
     gggaggggga gcgagttcgc atctctcctt ttcctggtta qactctqttc aaccacattc1500
15
     ttatgttggc agatctgctt ccagattgat ttttagagca ccatcacttt cacattcctg1560'
     attctgattt tgttttgttt tgtttgggtt ttctgaaact taaaatgctg ccccgaaaat1620
     actatatttt tgagtttgtg ttctgaaagc ctccgtgctg ctggatcttt ggggggaaat1680
     acaggatect teageactga ggtgtttaag atttgcaact ageaatgeaa ttttttetaa1740
     atatggggat atttaccttt attaagaaat tatactaaac attgatgtcc ttgatcattt1800
20
     tatgttctca tattactttt gattctacta tgattgtqtq qtqqtqaaca aaqatcatta1860
     caaacaaaaa ctgtaatttt gttatatttg attcaatgga atttacctaa aaaataaaga1920
     ctaaaaatgt gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa
```

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1458 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

30

35

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56:

```
cggctcgagc ggctcgagat tcgaggtcgt ggtggtcttg gaagagcgtc gagggggccg 60
tggacgtgga atgggccgag gagatggatt tgattctcgt ggcaaacgtg aatttgatag 120
gcatagtgga agtgatagat ctggcctgaa gcacgaggac aaacgtggag gtagcggatc 180
tcacaactgg ggaactgtca aagacgaatt aacagagtcc cccaaataca ttcagaaaca 240
aatatcttat aattacagtg acttggatca atcaaatgtg actgaggaaa cacctgaagg 300
tgaagaacat catccagtgg cagacactga aaataaggag aatgaagttg aagaggtaaa 360
agaggagggt ccaaaagaga tgactttgga tgagtggaag gctattcaaa ataaggaccg 420
ggcaaaagta gaatttaata tccgaaaacc aaatgaaggt gctgatgggc agtggaagaa 480
```

188 WO 99/53040 PCT/DE99/01087

```
gggatttgtt cttcataaat caaagagtga agaggctcat gctqaagatt cggttatqga 540
     ccatcatttc cggaagccag caaatgatat aacgtctcag ctggagatca attttggaga 600
     ccttggccgc ccaggacgtg gcggcagggg aggacgaggt ggacgtgggc gtggtgggcg 660
     cccaaaccgt ggcagcagga ccgacaagtc aagtgcttct gctcctgatg tggatgaccc 720
     agaggcattc ccagctctgg cttaactgga tgccataaga caaccctggt tcctttgtga 780
     accettetgt teaaagettt tgeatgetta aggatteeaa aegaetaaga aattaaaaaa 840
     aaaaagactg tcattcatac cattcacacc taaagactga attttatctg ttttaaaaat 900
     gaacttctcc cgctacacag aagtaacaaa tatggtagtc agttttgtat ttagaaatgt 960
     attggtagca gggatgtttt cataattttc agagattatg cattcttcat gaatactttt1020
10
     gtattgctgc ttgcaaatat gcatttccaa acttgaaata taggtgtgaa cagtgtgtac1080
     cagtttaaag ctttcacttc atttgtgttt tttaattaag gatttagaag ttcccccaat1140
     tacaaactgg ttttaaatat tggacatact ggttttaata cctgctttgc atattcacac1200
     atggtcaact gggacatgtt aaactttgat ttgtcaaatt ttatgctgtg tggaatacta1260
     actatatgta ttttaactta gttttaatat tttcattttt ggggaaaaat cttttttcac1320
15
     ttctcatgat agctgttata tatatatgct aaatctttat atacagaaat atcagtactt1380
     gaacaaattc aaaagcacat ttggtttatt aacccgtggc tgccctggca tggggcccat1440
     ttggggtcca aattataa
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

20

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2188 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- 25 (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57:

```
coccecco coccecco coccecco coccecco coccecco coccecco coccecco 120
45
    coccecce coccecce coccecce coccecce coccecce coccecce coccecce 240
    cocccccc cocccccct coccccccc cocccccc cocccccc coctgeaacc 300
    ccaaccctcc cccacccccc cccctacaag tcacctggtt aagccaacct gaattctact 360
    cacctgggcg tggaagtatg tatgacagaa tgcgacgagg aggtgatgga tatgatggtg 420
50
    gttatggagg ttttgatgac tatggtggct ataataatta cggctatggg aatgatggct 480
    ttgatgacag aatgagagat ggaagaggta tgggaggaca tggctatggt ggagctggtg 540
    atgcaagttc aggttttcat ggtggtcatt tcgtacatat gagagggttg ccttttcgtg 600
    caactgaaaa tgacattgct aatttcttct caccactaaa tccaatacga gttcatattg 660
    atattggagc tgatggcaga gccacaggag aagcagatgt agagtttgtg acacatgaag 720
55
    atgcagtagc tgccatgtct aaagataaaa ataacatgca acatcgatat attgaactct 780
     tettgaatte taeteetgga ggeggetetg geatgggagg ttetggaatg ggaggetaeg 840
```

```
gaagagatgg aatggataat cagggaggct atggatcagt tggaaqaatg ggaatggga 900
     acaattacag tggaggatat ggtactcctg atggtttggg tggttatggc cgtggtggtg 960
     gaggcagtgg aggttactat gggcaaggcg gcatgagtgg aggtggatgg cgtgggatgt1020
     actgaaagca aaaacaccaa catacaagtc ttgacaacag catctggtct actagacttt1080
     cttacagatt taatttcttt tgtattttaa gaactttata atgactgaag gaatgtgtt1140
     tcaaaatatt atttggtaaa gcaacagatt gtgatgggaa aatgttttct gtaggtttat1200
     ttgttgcata ctttgactta aaaataaatt tttatattca aaccactgat gttgatactt1260
     tttatatact agttactcct aaagatgtgc tgccttcata agatttgggt tgatgtattt1320
     tactattagt tctacaagaa gtagtgtggt gtaattttag aggataatgg ttcacctctg1380
10
     cgtaaactgc aagtcttaag cagacatctg gaatagagct tgacaaataa ttagtgtaac1440
     ttttttcttt agttcctcct ggacaacact gtaaatataa agcctaaaga tgaagtggct1500
     tcaggagtat aaattcagct aattattct atattattat ttttcaaatg tcatttatca1560
     ggcatagctc tgaaacattg atgatctaag aggtattgat ttctgaatat tcataattgt1620
     gttacctggg tatgagagtg ttggaagctg aattctagcc ctagattttg gagtaaaacc1680
15
     ccttcagcac ttgaccgaaa taccaaaaat gtctccaaaa aattgatagt tgcaggttat1740
     cgcaagatgt cttagagtag ggttaaggtt ctcagtgaca caagaattca gtattaagta1800
     cataggtatt tactatggag tataattctc acaattgtat tttcagtttt ctgcccaata1860
     gagtttaaat aactgtataa atgatgactt taaaaaaatg taagcaacaa gtccatgtca1920
     tagtcaataa aaacaatcct gcagttgggt tttgtatctg atccctgctt ggagttttag1980
20
     tttaaagaat ctatatgtag caaggaaaag gtgcttttta attttaatcc ctttgatcaa2040
     tatggctttt ttccaaattg gctaatggat caaaatgaaa cctgttgatg tgaattcagt2100
     tattgaactt gttacttgtt tttgccagaa atgttattaa taaatgtcaa tgtgggagat2160
     aaaaaaaaa aaaaaaaaa aaaaaaaa
```

25

30

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1548 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

```
ctcgctagtt cgatcggtag cgggagcgga gagcggacc cagagagccc tgagcagcc 120 gccccagtc accatcacc accatgag cagcgagcc gagacccagc accatcacc gcgcccccc gcggccccccc gcggccccccc cgggcgcct ccccagcc cggcccccc cggcgcagg agcggtgcc cgggcgcct cacatcagg gcccccccc gcaccagg agcgcccccc cgggcgcct cacatcacg gcgcccccc gcggcgcct cacatcacg cgcccccc gcggcgcct cacatcacg gcgcctcccc gcggcgcct cacatcggc gcgcctgcc gcggggacaa 300 gaaggtcatc gcaacgaagg ttttgggaac agtaaaatgg ttcaatgtaa ggaacggata 360 tggtttcatc aacaggaatg acaccaagga agatgtattt gtacaccaga ctgccataaa 420
```

```
gaagaataac cccaggaagt accttcgcag tgtaggagat ggagagactg tggagtttga 480
     tgttgttgaa ggagaaaagg gtgcggaggc agcaaatgtt acaggtcctg gtggtgttcc 540
     agttcaaggc agtaaatatg cagcagaccg taaccattat agacgctatc cacgtcgtag 600
     gggtcctcca cgcaattacc agcaaaatta ccagaatagt gagagtgggg aaaagaacga 660
     gggatcggag agtgctcccg aaggccaggc ccaacaacgc cggccctacc gcaggcgaag 720
     gttcccacct tactacatgc ggagacccta tgggcgtcga ccacagtatt ccaaccctcc 780
     tgtgcaggga gaagtgatgg agggtgctga caaccagggt gcaggagaac aaggtagacc 840
     agtgaggcag aatatgtatc ggggatatag accacgattc cgcaggggcc ctcctcgcca 900
     aagacagcct agagaggacg gcaatgaaga agataaagaa aatcaaggag atgagaccca 960
10
     aggtcagcag ccacctcaac gtcggtaccg ccgcaacttc aattaccgac gcagacgccc1020
     agaaaaccct aaaccacaag atggcaaaga gacaaaagca gccgatccac cagctgagaa1080
     ttcgtccgct cccgaggctg agcagggcgg ggctgagtaa atgccggctt accatctctal140
     ccatcatccg gtttagtcat ccaacaagaa gaaatatgaa attccagcaa taagaaatga1200
     acaaaagatt ggagctgaag acctaaagtg cttgcttttt gcccgttgac cagataaata1260
     gaactatctg cattatctat gcagcatggg gtttttatta tttttaccta aagacgtctc1320
     tttttggtaa taacaaacgt gtttttaaa aaagcctggt ttttctcaat acgcctttaa1380
     aggtttttaa attgtttcat atctggtcaa gttgagattt ttaagaactt catttttaat1440
     ttgtaataaa agtttacaac ttgattttt caaaaaagtc aacaaactgc aagcacctgt1500
     taataaaggt cttaaataat tgtctttgtg taaaaaaaaa gggaatat
20
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1254 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

25

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:

```
caacacatcc tatcagactg gggctggccc ttaacttctc tgggttctat tatgagattc 780
tgaactcccg cagagaaagc ctgctctctt gcaaagacag cttttgatga agccattgct 840
gaacttgata cattaagtga agagtcatac aaagacagca cgctaataat gcaattactg 900
agaggacaact tgacattgtg gacatcggat acccaaggag acgaagctga agcaggagaa 960
ggaggggaaa attaaccggc cttccaactt ttgtctgcct cattctaaaa tttacacagt1020
agaccatttg tcatccatgc tgtcccacaa atagttttt gtttacgatt tatgacaggt1080
ttatgttact tctatttgaa tttctatatt ttccctgtgg gttttatgtt tagttttggg1140
ggagtaggag ccagtttaac gtttggggag tttgtctgtt tttcgtcttt gagggtggc1200
ccagtatggg ggggtgttgg gattttttgt taccagttt tgaggtgttt ttgg 1254
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 954 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 30

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63:

```
35
     actttattgg tatagagact gcagagggac caggggcttt agctgttggc agctatggtg120
     tccttaatcc agtccacata gttgtagacc ttggtgtaga ctccaggcct gttcttctgg180
     gcacagccat agccccagga gacaattcct tggagctctc cattggagac cacagggcca240
40
     ccagaatcac cctggcagga atccttgcct ccctcgagga agcccacaca gaacatgttg300
     ttggtaatct ttccagggta ggaggcttca cactcagcct ggctcagcac aggagcatcc360
     aggcactgca gctcgtctgg gtagtcggca ccagaactca gagtgttgcc ccagccggag420
     atgagggact cggtgccagc agctggaggg gcagtgggca gagagatggc ggacacgcgg480
     gaattgatga cggcaggtga ggagagcttg atcagcagga tgtcattgtc cagagtccgg540
45
     ctgttgtatt tggggtggcg gatgatcttg gccgcattga tgaactgttc attcccctcc600
     aggacttcga tgttgtgctc tcccagtctc acctggatgc gggacttgta gcagtgacct660
     gctgacacca cccactgttc gctgatgagg gagccaccgc agaagtggta gccagaattc720
     aaggacacct ggtaggggac agaattctcc tcacagatgt agcccccaac gatcttgtca780
     tcatcatcaa agggggcagc aacagcagct gcaacaaagg taaggatcag aagtagattc840
50
     atggtggtag agtgtgcctg attgctggtg gagaacccgt ctttatacct cccgaggatg900
     gggagaggag gtgtctgtga ggtgagggtc actgctcctc ccaqcacaaa caca
```

- 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:
- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2213 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 15 **(C) ORGAN:**
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65:

```
ggcggacccg ccgggggtcg aggcctgcct ctccgagagc tcctggcgcg gccgtcccgg 60
     cccggggccc caggtgcgct tcccctagag agggattttc cggtctcgtg ggcagaggaa 120
     caaccaggaa cttggggctc agtctccacc ccacagtggg gcggatccgt cccggataag 180
25
     accegetgte tggecetgag tagggtgtga ceteegeage cgcagaggag gagegeagee 240
     ggcctcgaag aacttctgct tgggtggctg aactctgatc ttgacctaga gtcatggcca 300
     tggcaaccaa aggaggtact gtcaaagctg cttcaggatt caatgccatg gaagatgccc 360
     agaccetgag gaaggeeatg aaagggeteg geacegatga agacgeeatt attagegtee 420
     ttgcctaccg caacaccgcc cagcgccagg agatcaggac agcctacaag agcaccatcg 480
30
     gcagggactt gatagacgac ctgaagtcag aactgagtgg caacttcgag caggtgattg 540
     tggggatgat gacgcccacg gtgctgtatg acgtgcaaga gctgcgaagg gccatgaagg 600
     gageeggeac tgatgaggge tgeetaattg agateetgge eteeeggace eetgaggaga 660
     teeggegeat aagecaaace taccageage aatatggaeg gageettgaa gatgaeatte 720
     gctctgacac atcgttcatg ttccagcgag tgctggtgtc tctgtcagct ggtgggaggg 780
35
     atgaaggaaa ttatctggac gatgctctcg tqaqacaqqa tqcccaqqac ctqtatqaqq 840
     ctggagagaa gaaatggggg acagatgagg tgaaatttct aactgttctc tgttcccgga 900
     accgaaatca cctgttgcat gtgtttgatg aatacaaaag gatatcacag aaggatattq 960
     aacagagtat taaatctgaa acatctggta gctttgaaga tgctctgctg gctatagtaa1020
     agtgcatgag gaacaaatct gcatattttg ctgaaaagct ctataaatcg atgaaqqqct1080
40
     tgggcaccga tgataacacc ctcatcagag tgatggtttc tcgagcagaa attgacatgt1140
     tggatatccg ggcacacttc aagagactct atggaaagtc tctgtactcg ttcatcaagg1200
     gtgacacatc tggagactac aggaaagtac tgcttgttct ctgtggagga gatgattaaa1260
     ataaaaatcc cagaaggaca ggaggattct caacactttq aattttttta acttcatttt1320
     tetacactge tattateatt ateteagaat gettatttee aattaaaacg cetacagetg1380
45
     cctcctagaa tatagactgt ctgtattatt attcacctat aattagtcat tatgatgctt1440
     taaagctgta cttgcatttc aaagcttata agatataaat ggagatttta aagtagaaat1500
     aaatatgtat tocatgtttt taaaagatta otttotactt tgtgtttcac agacattgaa1560
     tatattaaat tattccatat tttcttttca gtgaaaaatt ttttaaatgg aagactgttc1620
     taaaatcact tttttcccta atccaatttt tagagtggct agtagtttct tcatttgaaa1680
50
     ttgtaagcat ccggtcagta agaatgccca tccagttttc tatatttcat agtcaaagcc1740
      ttgaaagcat ctacaaatct ctttttttag gttttgtcca tagcatcagt tgatccttac1800
      taagtttttc atgggagact tccttcatca catcttatgt tgaaatcact ttctgtagtc1860
     aaagtatacc aaaaccaatt tatctgaact aaattctaaa gtatggttat acaaaccata1920
     tacatctggt taccaaacat aaatgctgaa cattccatat tattatagtt aatgtcttaa1980
55
     tccagcttgc aagtgaatgg aaaaaaaaaat aagcttcaaa ctaggtattc tgggaatgat2040
      gtaatgctct gaatttagta tgatataaag aaaacttttt tgtgctaaaa atacttttta2100
      aaatcaattt tgttgattgt agtaatttct atttgcactg tgcctttcaa ctccagaaac2160
     attctgaaga tgtacttgga tttaattaaa aagttcactt tgtaaaaaaa aaa
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2878 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

10

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 20 **(C) ORGAN**:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67:

```
cctcgtgcag gtgcaccgct tggtcctaaa agctctggag gatggccggg catatgggtc 60
     tccatggtgc aacaaacaga tcacaaggtg cctaattgaa tgtcgagatg aatataaata 120
     taatgtggag gctgtggagc tgctaattcg caatcatttg gttaatatgc agcagtatga 180
30
     tcttcaccta gcgcagtcaa tggagaatgg cttaaactac atggctgtgg catttgctat 240
     gcagttagta aaaatcctgc tggtggatga aaggagtgtt gctcatgtta ctgaggcaga 300
     tetgttecae accattgaaa eceteatgag gattaatget eatteeagag geaatgetee 360
     agaaggattg ccccagctga tggaagtagt gcgatccaac tatgaagcaa tgattgatcg 420
     tgctcatgga ggcccaaact ttatgatgca ttctgggatc tctcaagcct cagagtatga 480
35
     tgaccctcca ggcctgaggg agaaggcaga gtatcttctg agggaatggg tgaatctcta 540
     ccattcagca gcagctggcc gcgacagtac caaagctttc tctgcatttg ttggacagat 600
     gcaccagcaa ggaatactga agaccgatga tctcataaca aggttctttc gtctgtgtac 660
     tgaaatgtgt gttgaaatca gttaccgtgc tcaggctgag cagcagcaca atcctqctqc 720
     caatcccacc atgatccgag ccaagtgcta tcacaacctg gatgcctttg ttcgactcat 780
40
     tgcactgctc gtgaaacact caggggaggc caccaacact gtcacaaaga ttaatctgct 840
     gaacaaggtc cttggtatag tagtgggagt tctccttcag gatcatgatg ttcqtcagag 900
     tgaatttcag caacttccct accatcgaat ttttatcatg cttctcttgg aactcaatgc 960
     acctgagcat gtgttggaaa ccattaattt ccagacactt acaqctttct qcaatacatt1020
     ccacatcttg aggcctacca aagctcctgg ctttgtatat gcctggcttg aactgatttc1080
45
     ccatcggata tttattgcaa gaatgctggc acatacgcca cagcagaagg ggtggcctat1140
     gtatgcacag ctactgattg atttattcaa atatttagcg cctttcctta gaaatgtgga1200
     actcaccaaa cctatgcaaa tcctctacaa gggcacttta agagtgctgc tggttctttt1260
     gcatgatttc ccagagttcc tttgtgatta ccattatggg ttctgtgatg tgatcccacc1320
     taattgtatc cagttaagaa atttgatcct gagtgccttt ccaagaaaca tgaggctccc1380
     cgacccattc actcctaatc taaaggtgga catgttgagt gaaattaaca ttgctccccg1440
50
     gattctcacc aatttcactg gagtaatgcc acctcagttc aaaaaqqatt tqqattccta1500
     tcttaaaact cgatcaccag tcactttcct gtctgatctg cgcagaacct acaggtatcc1560
     aatgaacctg ggaatcgcta caacctccag ctcatcaatg cactggtgct ctatgtcggg1620
     actcaggcca ttgcgcacat ccacaacaag ggcagcacac cttcaatgag caccatcact1680
55
     cactcagcac acatggatat cttccagaat ttggctgtgg acttggacac tgagggtcgc1740
      tatctctttt tgaatgcaat tgcaaatcag ctccggtacc caaatagcca cactcactac1800
```

WO 99/53040 PCT

```
ttcagttgca ccatgctgta cctttttgca gaggccaata cggaagccat ccaagaacaq1860
     atcacaagag ttctcttgga acggttgatt gtaaataggc cacatccttg gggtcttctt1920
     attacettea ttgagetgat taaaaaceea gegtttaagt tetggaacea tgaatttgta1980
     cactgtgccc cagaaatcga aaagttattc cagtcggtcg cacagtgctg catgggacag2040
5
     aagcaggccc agcaagtaat ggaagggaca ggtgccagtt agacgaaact gcatctctgt2100
     tgtacgtgtc agtctagagg tctcactgca ccgagttcat aaactgactg aagaatcctt2160
     tcagctcttc ctgactttcc cagccctttg gtttgtgggt atctgcccca actactgttg2220
     ggatcagcct cctgtcttat gtgggcacqt tccaaaqttt aaatgcattt ttttgactct2280
     tggccaaaat ttagaagatg ctgtgaatat cattttgaac ttgtgtaaat acatgaaaga2340
10
     ggaaaacctt tgtctggaac ttcttggctt tgtgcaagct gtgtccaagg caagtacata2400
     aactggtacc ttgtaatgaa gaggcagctg atgccatgca cttgtctgag ggcatagctc2460
     catgtettet gacatteetg gtgteecaaa gaatageaaa aageeagttt gaatattatg2520
     taacttattt ttttaatgtg gacaggggac cttgaaaatc actaagttat taaaaatgtg2580
     gatgtgctag aattggatat gtccaggaac atgggaaggg ctcactattg gaatcccatg2640
15
     agtttccatt ttgtctctac ccaaacgtat tccaaagctg actgcatttg taccatctta2700
     tttcttttgg ggattataca cctcagccgc ctgagatggg ggtcagctct ttatataaag2760
     ggaaaccaga ccaggcctaa agcccaccc ctaccctcac ccccccaca atcctctcct2820
     gaaactttaa aaaccagtgg ggattttagg gaaagggaac ccaaacccgc attaattg 2878
```

20

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 701 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

40

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68:

```
atgatattt ggatgtagtc ttttgattgt ttaaatctta aaaagtaatg ggatctttg 60 acactggggt atgtttatt tttatgtgtg caaattttaa ccatattctt ttctagttaa120 agaggaaaaa gcaagttgct ccagaaaaac ctgtaaagaa acaaaagaca ggtgagactt180 cgagagccct gtcatctct aaacagagca gcagcagcag agatgataac atgttcaga240 ttgggaaaat gaggtacct gaaggtgaaa tgaaaccagg aagaaaaggt attcttaa300 gagaatattg gatggatcct gaaggtgaaa tgaaaccagg aagaaaaggt attcttaa360 atccagaaca atggagccag ctgaaggaac agatttctga cattgatgat gcagtaaga420 aactgtaaaa ttcgagccat ataaataaaa cctgtactgt tctagttgt ttaatctgc480 ttttacatt ggcttttgtt ttctaaatgt tctccaagct attgatgtt tggattgcag540 aagaatttgt aagatgaata ctttttta atggtcatta ttaaaaatat tgagtgaagc600 taattgtcaa ctttataaa gattactttg tctgcccacc acctagtgta aaataaaatc660 aagtaataca atcttaaaaa aaaaaaaaaa aaaagtcgag c
```

INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 817 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

20

5

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69:

25 gtttttttt tttttttt tttttttaa gcacagaaag cttttattac cacagaggaa 60 atcaggaaat gctggaggca gcctcgttag ctgtgtgatc agggagggga cagcaggcgg120 gaacccgtca tcaatcatgt ctgggcagtc tcccaaccaa caggtttgtt tggttcagga180 gaggettttg etgggetgtg tgtgtgtatg atcaggaagg teageetcaa caaatgqget240 30 tcttcctgga cataggacag ccagaatcgg ggacaccagc tgcacagaca ccaccttaaa300 atggaaatca aattaggttc attacatcag gaagtacatt tcaccctgat cataaaagag360 ggacaaggga gcactgggct ctactggata gcctttcttt tagataagat gcttttaaaa420 gttaaacatt ggcagggcct ttcccctagc taacagcaag cagcacacaa ttccaagtca480 gcttgtaaag cttttgttat ctttgttatc tgttattatt tggattttga acgaaattga540 35 tggagtacga gccggtagag gaatcctgtt tgatctggaa attttccgtg gagagcccaa600 aaggtcggag aaccaagttc ccaagatctt ttaatttacc taacatctct tcttttagtc660 tttcattacg ttcttcaatt tgcttaggta atctcataca agcttctctt gcttgatgta720 ttgatgaagg ttcccgcctg ctgtcccctc cctgatcaca cagctaacga ggctcctcca780 gcatttcctg atttcctctg tggtaataaa agctttc

40

45

- 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2686 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

5

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG; SEQ ID NO: 70:

```
gcaaggccta ctgtcggctg ggaggggagg tgtagccggt ctttgggggt aggcggtagt 60
     ggcggaagag gttcggcggc tgatggcgga tcaggatcgg aagcctgcgt aactttctcc 120
     cttgatccgg gagtctttcc actggattca caatgacatc ctttcaagaa gtcccattgc 180
15
     agacttccaa ctttgcccat gtcatctttc aaaatgtggc caagagttac cttcctaatg 240
     cacacctgga atgtcattac accttaactc catatattca tccacatcca aaagattggg 300
     ttggtatatt caaggttgga tggagtactg ctcgtgatta ttacacgttt ttatggtccc 360
     ctatgcctga acattatgtg gaaggatcaa cagtcaattg tgtactagca ttccaaggat 420
     attaccttcc aaatgatgat ggagaatttt atcagttctg ttacgttacc cataagggtg 480
20
     aaattcgtgg agcaagtaca cctttccagt ttcgagcttc ttctccagtt gaagagctgc 540
     ttactatgga agatgaagga aattctgaca tgttagtggt gaccacaaaa gcaggccttc 600
     ttgagttgaa aattgagaaa accatgaaag aaaaagaaga actgttaaag ttaattgccg 660
     ttctggaaaa agaaacagca caacttcgag aacaagttgg gagaatggaa agagaactta 720
     accatgagaa agaaagatgt gaccaactgc aagcagaaca aaagggtctt actgaagtaa 780
25
     cacaaagctt aaaaatggaa aatgaagagt ttaagaagag gttcagtgat gctacatcca 840
     aagcccatca gcttgaggaa gatattgtgt cagtaacaca taaagcaatt gaaaaagaaa 900
     ccgaattaga cagtttaaag gacaaactca agaaqqcaca acatqaaaqa qaacaacttq 960
     aatgtcagtt gaagacagag aaggatgaaa aggaacttta taaggtacat ttgaagaata1020
     cagaaataga aaataccaag cttatgtcag aggtccagac tttaaaaaaat ttagatggga1080
30
     acaaagaaag cgtgattact catttcaaag aagagattgg caggctgcag ttatgtttgg1140
     ctgaaaagga aaatctgcaa agaactttcc tgcttacaac ctcaagtaaa gaagatactt1200
     gttttttaaa ggagcaactt cgtaaagcag aggaacaggt tcaggcaact cggcaagaag1260
     ttgtctttct ggctaaagaa ctcagtgatg ctgtcaacgt acgagacaga acgatggcag1320
     acctgcatac tgcacgcttg gaaaacgaga aagtgaaaaa gcagttagct gatgcagtgg1380
35
     cagaacttaa actaaatgct atgaaaaaag atcaggacaa gactgataca ctggaacacg1440
     aactaagaag agaagttgaa gatctgaaac tccgtcttca gatggctgca gaccattata1500
     aagaaaaatt taaggaatgc caaaggctcc aaaaacaaat aaacaaactt tcagatcaat1560
      cagctaataa taataatgtc ttcacaaaga aaacggggaa tcagcagaaa gtgaatgatg1620
      cttcagtaaa cacagaccca gccacttctg cctctactgt agatgtaaag ccatcacctt1680
40
     ctgcagcaga ggcagatttt gacatagtaa caaaggggca agtctgtgaa atgaccaaag1740
      aaattgctga caaaacagaa aagtataata aatgtaaaca actcttgcag gatgagaaag1800
     caaaaatgcaa taaatatgct gatgaacttg caaaaatgga gctgaaatgg aaagaacaag1860
      tgaaaattgc tgaaaatgta aaacttgaac tagctgaagt acaggacaat tataaagaac1920
      ttaaaaaggag tctagaaaat ccagcagaaa ggaaaatgga agatggagca gatggtgctt1980
45
      tttacccaga tgaaatacaa aggccacctg tcagagtccc ctcttgggga ctggaagaca2040
      atgttgtctg cagccagcct gctcgaaact ttagtcggcc tgatggctta gaggactctg2100
      aggatagcaa agaagatgag aatgtgccta ctgctcctga tcctccaagt caacatttac2160
      gtgggcatgg gacaggcttt tgctttgatt ccagctttga tgttcacaag aagtgtcccc2220
      tctgtgagtt aatgtttcct cctaactatg atcagagcaa atttgaagaa catgttgaaa2280
50
      gtcactggaa ggtgtgcccg atgtgcagcg agcagttccc tcctgactat gaccagcagg2340
      tgtttgaaag gcatgtgcag acccattttg atcagaatgt tctaaatttt gactagttac2400
      tttttattat gagttaatat agtttagcag taaaaaaaaa aaaaaaaacc acacctaaaa2460
      tagaccactg aggagaccat agagcggatg ctttcatgca ccctttactg cactttctga2520
      ccaggageta etttgagttt ggtgttaeta ggateagggt eagtetttgg ettateaata2580
55
      aattttaatc tctgttaatc ttaccaaaat ttaaaaaaaaa aaaaaaaaat cqtactttat2640
      ttatccctag ttgcagactg ctgaataaag gtcaaggatt atccat
```

```
(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
```

(A) LÄNGE: 922 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

20

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72:

```
ctgctctgaa aagccatctt tgcattgttc ctcatccgcc tccttgctcg cggcaqccqc 60
25
     ctccgccgcg cgcctcctcc gccgccgcgg actccggcag ctttatcgcc agagtccctg120
     aacteteget ttetttttaa teeeetgeat eggateaeeg gegtgeeeea eeatgteaga180
     cgcagccgta gacaccagct ccgaaatcac caccaaggac ttaaaggaga agaaggaagt240
     tgtggaagag gcagaaaatg gaagagacgc ccctgctaac gggaatgcta atgaggaaaa300
     tggggagcag gaggctgaca atgaggtaga cgaagaagag gaagaagggg ggtgatqgtq360
30
     aggaagagga tggagatgaa gatgaggaag ctgagtcagc tacgggcaag cgggcagctg420
     aagatgatga ggatgacgat gtcgatacca agaagcagaa gaccgacgag gatgactaga480
     cagcaaaaaa ggaaaagtta aactaaaaaa aaaaaggccg ccgtgaccta ttcaccctcc540
     acttcccgtc tcagaatcta aacgtggtca ccttcgagta gagaggcccg cccgcccacc600
     35
     tttgcaacag gggagggaaa aaggaccaaa acttccaagg ccctgctttt tttcttaaaa720
     gtactttaaa aaggaaattt gtttgtatgt tctatttaca tttgatagtg ttgtacatat780
     tgttaggggt caaccatttt taatgatete ggatgaceaa accageette qgaageqtte840
     tetggeetae ttetggaett ttacqttqgt qqqttqttqa ccatqttcaa ttataatccc900
     aaaaaggggga aaaaaaacct tt
```

40

45

- 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 870 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

```
(vi) HERKUNFT:
```

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73:

10 ggaagtggcg gtgcgagggc tgctqcacaq cqaqcqqaqc cqcqqtccqq acqqcaqcqc 60 gtgccccgag ctctccgcct ccccccgccc gccagccgag gcagctcgag cccagtccgc120 ggccccagca gcagcgccga gagcagcccc agtagcagcg ccatggccgg gtggaacgcc180 , tacatcgaca acctcatggc ggacgggacc tgtcaggacg cggccatcgt gggctacaag240 gactcgccct ccgtctgggc cgccgtcccc gggaaaacgt tcgtcaacat cacgccagct300 gaggtgggtg teetggttgg caaaqaeegg teaaqttttt acqtqaatqq qetqaeaett360 gggggccaga aatgttcggt gatccgggac tcactgctgc aggatgggga atttagcatg420 gatettegta ceaagageae eggtggggee eccaeettea atgteaetgt caecaagaet480 gacaagacgc tagtcctgct gatgggcaaa gaaggtgtcc acggtggttt gatcaacaag540 20 aaatgttatg aaatggcctc ccaccttcgg cgttcccagt actgacctcg tctgtccctt600 ccccttcacc gctccccaca gctttgcacc cctttcctcc ccatacacac acaaaccatt660 ttattttttg ggccattacc ccatacccct tattqctqcc aaaaccacat qqqctqqqqq720 ccagggctgg atggacagac acctcccct acccatatcc ctcccgtgtg tggttggaaa780 acttttgttt tttggggttt tttttttctg aataaaaaag attctactta acaaaaaaaa840 25 aaaaaaaaa aaaaaaaaa aaagggggg

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1418 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

45

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74:

ataaaagagg aaagagtgcc caggtcttca ctccactgcg actgcagaac tcagagctgc 60 tcttcctctg tggccagttg gggaccagca tcatgaagtg gatggtggtg gtcttggtct 120 gcctccagct cttggaggca gcagtggtca aagtgcccct gaagaaattt aagtctatcc 180

PCT/DE99/01087 WO 99/53040 199

```
gtgagaccat gaaggagaag ggcttgctgg gggagttcct gaggacccac aagtatgatc 240
     ctgcttggaa gtaccgcttt ggtgacctca gcgtgaccta cgagcccatg gcctacatgg 300
     atgctgccta ctttggtgag atcagcatcg ggactccacc ccagaacttc ctggtccttt 360
     ttgacaccgg ctcctccaac ttgtgggtgc cctctgtcta ctgccagagc caggcctgca 420
     ccagtcactc ccgcttcaac cccagcgagt cgtccaccta ctccaccaat gggcagacct 480
     tetecetgea gtatggeagt ggeageetea eeggettett tggetatgae accetqaetg 540
     tccagagcat ccaggtcccc aaccaggagt tcggcttgag tgagaatgag cctggtacca 600
     acttcgtcta tgcgcagttt gatggcatca tgggcctggc ctaccctgct ctgtccgtgg 660
     atgaggccac cacagctatg cagggcatgg tgcaggaggg cgccctcacc agccccgtct 720
10
     tcagcgtcta cctcagcaac cagcagggct ccagcggggg agcggttgtc tttgggggtg 780
     tggatagcag cctgtacacg gggcagatct actgggcgcc tgtcacccag gaactctact 840
     ggcagattgg cattgaagag ttcctcatcg gcggccaggc ctccggctgg tgttctgagg 900
     gttgccaggc catcgtggac acaggcacct ctctgctcac tgtgccccag cagtacatga 960
     gtgctcttct gcaggccaca ggggcccagg aggatgagta tggacagttt ctcgtgaact1020
     gtaacagcat tcagaatctg cccagcttga ccttcatcat caatggtgtg gagttccctc1080
15
     tgccaccttc ctcctatatc ctcagtaaca acggctactg caccgtggga gtcgagcccal140
     cctacctgtc ctcccagaac qqccaqcccc tqtqqatcct cqqqqatqtc ttcctcaqqt1200
     cctactattc cgtctacgac ttgggcaaca acagagtagg ctttgccact gccgcctaga1260
     cttgctgcct cgacacgtgg gctcccctct tcctcttgac cctgcaccct cctagggcat1320
20
     tgtatctgtc tttccactct ggattcagcc ttcttttct ggactctgga ctttctctaa1380
     taataaatag ttcttctttt aaaaaaaaaa aaaaaaaa
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1712 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

30

25

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 40 (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76: 45

```
gtggcagaaa acctcatgac acaatctctc cgcctccctg tgttggtgga ggatgtctgc 60
     agcagcattt aaattetggg agggettggt tgteageage ageaggaggg geagageaca 120
     gcatcgtcgg gaccagactc gtctcaggcc agttgcagcc ttctcagcca aacgccgacc 180
50
     aaggaaaact cactaccatg agaattgcag tgatttgctt ttgcctccta ggcatcacct 240
     gtgccatacc agttaaacag gctgattctg qaagttctga qgaaaaqcag ctttacaaca 300
     aatacccaga tgctgtggcc acatggctaa accctgaccc atctcagaag cagaatctcc 360
     tagccccaca gaatgctgtg tcctctgaag aaaccaatga ctttaaacaa gagacccttc 420
     caagtaagtc caacgaaagc catgaccaca tggatgatat ggatgatgaa gatgatgacg 480
55
     accatgtgga cagccaggac tocattgact cgaacgactc tgatgatgta gatgacactg 540
     atgattetea ecagtetgat gagteteace attetgatga atetgatgaa etggteactg 600
```

```
attttcccac ggacctgcca gcaaccgaag ttttcactcc agttgtcccc acagtagaca 660
     catatgatgg ccgaggtgat agtgtggttt atggactgag gtcaaaatct aagaagtttc 720
     gcagacctga catccagtac cctgatgcta cagacgagga catcacctca cacatggaaa 780
     gcgaggagtt gaatggtgca tacaaggcca tccccgttgc ccaggacctg aacgcgcctt 840
     ctgattggga cagccgtggg aaggacagtt atgaaacgag tcagctggat gaccagagtg 900
     ctgaaaccca cagccacaag cagtccagat tatataagcg gaaagccaat gatgagagca 960
     atgagcattc cgatgtgatt gatagtcagg aactttccaa agtcagccgt gaattccaca1020
     gccatgaatt tcacagccat gaagatatgc tggttgtaga ccccaaaagt aaggaagaag1080
     ataaacacct gaaatttcgt atttctcatg aattagatag tgcatcttct gaggtcaatt1140
10
     aaaaggagaa aaaatacaat ttctcacttt gcatttagtc aaaagaaaaa atgctttata1200
     gcaaaatgaa agagaacatg aaatgcttct ttctcagttt attggttgaa tgtgtatcta1260
     tttgagtctg gaaataacta atgtgtttga taattagttt agtttgtggc ttcatggaaa1320
     ctccctgtaa actaaaagct tcagggttat gtctatgttc attctataga agaaatgcaal380
     actatcactg tattttaata tttgttattc tctcatgaat agaaatttat gtagaagcaal440
     acaaaatact tttacccact taaaaaagaga atataacatt ttatgtcact ataatctttt1500
15
     gttttttaag ttagtgtata ttttgttgtg attatctttt tgtggtgtga ataaatcttt1560
     tatcttgaat gtaataagaa tttggtqgtg tcaattgctt atttgttttc ccacggttgt1620
     aaaagaaaag aaaaaaaggg gagggagggg ag
20
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1273Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

40

25

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78:

```
45 accgccccg ctgtgggtct cagcagctcg ggcggcgga ggggtggcag cggcaaggca 60 gcccagttc gcgaaggctg tcggcgccc gcggcccgca ggcacccggc acgcgccttc 120 cccgcagga gccgcaagg aagagccaa gaggagatcg gcccaagagg aaggtcagc 240 tcctgcaaaa gtggaagcca acgagagaa accgaaaaag gcagcagcagagaaactaaag aagacttacc tgcggaaaac aggggaaaccaa ggggaaaccaa aggccgaagt gccaagagagaa aagagccaa aagggaaaaccaa aggccgaagt gctaaccaa 360 gaaactaaag cagagagaa agaagccaag tctgattaat aaccatatac catgtcttat 480 cagtggtcc tgtctccctt cttgtacaat ccagaggaat attttacaa actatttgt 540 aaatgcaagt tttttagtag ctctagaaac atttttaaga aggagggaat cccacctcat 600 cccattttt aagtgtaaat tagtgtgga tattgaatta tgggaggctc tgactgcc 720
```

```
gggtgtcagc ttaacattcc acagatgggg ggttagtttt tatatcctat aatacaaagc 780 atattaaatg gcaatatgga gtcagtcctg catttaatgt cttgaacatt ttaaattact 840 tctattacca tgttgtttt tagtagaatt gtttcctaaa gaaaaccact ctttgatcat 900 ggctctctct gccagaattg tgtgcactct gtaacatctt tgtggtagtc ctgttttcct 960 aataactttg ttactgtgct gtgaaagatt acagatttga acatgtagtg tacgtgctgt1020 tgagttgtga actggtgggc cgtatgtaac agctgaccaa cgtgaagata ctggtacttg1080 atagcctctt aaggaaaatt tgcttccaaa ttttaagctg gaaagtcact ggaataactt1140 taaaaaaagaa ttacaataca tggcttttta gaatttcgtt acgtatgtta agatttggt1200 acaaattgaa atgtctgtac tgatcctcaa ccaataaaat ctcagttatg aaaataaaaa1260 aaaaaaaaaa aaa
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2342 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

30

15

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79:

```
ceteggacea eeggactgge etggggeggg aegtgggege gggggegegg egtgeggeae
     gctgcagggc tgaagcggcg gcggcggtgg ggactgcacg tagcccggcg ctcggcatgg 120
     ctctcctggt gctcggtctg gtgagctgta ccttctttct ggcagtgaat ggtctgtatt 180
40
     cctctagtga tgatgtgatc gaattaactc catcaaattt caaccgagaa gttattcaga 240
     gtgatagttt gtggcttgta gaattctatg ctccatggtg tggtcactgt caaagattaa 300
     caccagaatg gaagaaagca gcaactgcat taaaagatgt tgtcaaagtt ggtgcagttg 360
     atgcagataa gcatcattcc ctaggaggtc agtatggtgt tcagggattt cctaccatta 420
     agatttttgg atccaacaa aacagaccag aagattacca aggtggcaga actggtgaag 480
45
     ccattgtaga tgctgcgctg agtgctctgc gccagctcgt gaaggatcgc ctcgggggac 540
     gaagcggagg atacagttct ggaaaacaag gcagaagtga tagttcaagt aagaaggatg 600
     tgattgagct gacagacgac agctttgata agaatgttct ggacagtgaa gatgtttgga 660
     tggttgagtt ctatgctcct tggtgtggac actgcaaaaa cctagagcca gagtgggctg 720
     ccgcagcttc agaagtaaaa gagcagacga aaggaaaaqt gaaactggca qctqtqgatq 780
50
     ctacagtcaa tcaggttctg gcctcccgat acgggattag aggatttcct acaatcaaga 840
     tatttcagaa aggcgagtct cctgtggatt atgacggtgg gcggacaaga tccgacatcg 900
     tgtcccgggc ccttgatttg ttttctgata acgccccacc tcctgagctg cttgagatta 960
     tcaacgagga cattgccaag aggacgtgtg aggagcacca gctctgtgtt gtggctgtgc1020
     tgccccatat cettgatact ggagetgeag geagaaatte ttatetggaa gttettetga1080
     agttggcaga caaatacaaa aagaaaatgt gggggtggct gtggacagaa gctggagccc1140
55
     agtotgaact tgagaccgcg ttggggattg gagggtttgg qtaccccgcc atggccgcca1200
```

```
tcaatgcacg caagatgaaa tttgctctgc taaaaggctc cttcagtgag caaggcatca1260
     acgagtttct cagggagctc tcttttgggc gtggctccac ggcacctgta ggaggcgggg1320
     ctttccctac catcgttgag agagagcctt gggacggcag ggatggcgag cttcccgtgg1380
     aggatgacat tgacctcagt gatgtggagc ttgatgactt agggaaagat gagttgtgag1440
     agccacaaca gaggetteag accattteet tetettggga gecagtggat tettecagea1500
     gtgaagggac attetetaca eteagatgae tetaceagtg geettttaae caagaagtag1560
     tacttgattg gtcatttgaa aacactgcaa cagtgaactt ttgcatctca agaaaacatt1620
     gaaaaattct atgaattgtt gtagccggtg aattgagtcg tattctgtca cataatattt1680
     tgaagaaaac ttggctgtcg aaacattttt ctctctgact gctgcttgaa tgttcttgga1740
10
     ggctgtttct tatgtatggg ttttttttaa tgtgatccct tcatttgaat attaatggct1800
     ttttccatta aagaataaaa tattttggac aatgccgata aatgtatgaa gttagtatcc1860
     acatcataaa ttcagagtga tgtttagcag taaatcaata ttttgaagtg atacacagat1920
     gtctttcctc cccacaaact tttttaaaca aaaaacaaga cctctttct ttagatggtg1980
     ccacctatgc ccaccacaac agagatttta catggaaacc gggctcagtg agaactgatt2040
15
     tcctgcccaa tatttqtctt tgqqctqtct ctaqtqacta attattaaqq aatctaqctq2100
     gttatacagt tcaaggcttt ctatgttgtt aatgaacctc aaaatagccg ttaagacatg2160
     aaatacagca gcaggttacc aatgcgaaca ggtagttcgc atttatgtaa aacattcaga2220
     aaatgaagtt ttgaatttgt tggaacattc aaaggacttg agagcatttt attgtaactt2280
     20
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1959 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

25

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80:

gcagttatat aataagtttg ggagacaaaa tgatacgcac acgagagaag atgaagaaga 60
tactcaaagt tccaaatctg aagaacatca tttgtactct aatccaatca aagaagaaat 120
gactgagtct aagttctcta agtactctga aatgagtgag gaaaaacgag ccaaacttcg 180
tgaaattgag ctcaaagtta tgaagtttca ggatgaattg gaatctggga aaagacctaa 240
300
aaaaccaggc cagagttttc aggagcaagt agaacactac agagataaac ttcttcaacg 300
agagaaagag aaagagttag aaagagaacg agaaagagac aagaaagata aagaaaaatt 360
ggaatctcgc tccaaagaca agaaggaaaa agatgagtg acccgacaa ggaaggaaag 420
gaagaggcga cacagtacat cccccagcc atctcgcagt agcagtggta gacgagtgaa 480
atccccatca ccaaaatcgg agcgatcaga gcgttcagaa agatctcata aagagagctc 540
acggtccagg tcatctcaca aagattetcc tagagatgtt agcaaaaaag ccaaaagatc 600
accatctggt tcaaggacac ctaaaaggtc taggcgatca cggtctagat ctcctaaaaa 660

```
atcaggaaag aagtccagat cccagtccag atctccacac aggtctcata aaaagtcaaa 720
     gaaaaacaaa cactgacgta aatttttaag atgctgtcac ttattggaaa tgcgatttgt 780
     tttgtgcctg aacggtctgt tttttaaaaa aacaaaaaat caaatgaaag agcattcctg 840
     gggttttttg tttgtttgtg tatgcatgtg taaactcatg agcaactgca tctgtagatc 900
     tgtcattgtt ttatattgtg taaattactt tcattgtggc tatttctcaa gatgaaattt 960
     ttattgttct aatggatttc atcagaaatg tgtataatgg atctgctgac agtagtagta1020
     ttttgtttta ggatgttgtg acttaqcaaa aataatacaq atqtcttccc cccttttqta1080
     gctttgacaa tttgaattag atttcaaata aaatctgaac agaaaactat aatgttgttt1140
     ttttgcccca ccggtgatat taagtccctt aaagtcctac tgagtttcac actactgttg1200
10
     tgcttcttat acctgatgca ctttataagc cccagtgttc aagtagctta agttttatat1260
     ttactaagat gactatccaa attaagggac ctgagactcc tatttggtgg tttgctaacc1320
     atttgctttt qataaqtttc tcttgqqtaa tactaatacc caqatatcaa aqactaqqta1380
     gatatggcat ggcgttttgt tagtggaatg cctggctaaa acatttttt cacagaagcal440
     atatgatttc catacatcca acccatgttc tgagcaacta cttactttta gggggaaatt1500
15
     aaatatcttt tcatttcctc ttctattatg aaagaagttt atttgtaaaa caaattttct1560
     aacaaggttt ggccatagaa ttctcttgta tgattgttga ccttttataa tcttctgtag1620
     gctatctttc aaacactggc atcagaatat tttttataag tttgtgttta aacagcttag1680
     ttggtcccc cccccactcc caagagactt gggtttagtt atagctttaa gtaaaattta1740
     aaaataaaat gtttttcagg aaacttcgta tctaatggtt tgtaaattca aggtgcaaaa1800
20
     agttgattta aaccatttgc agagttgaac tctattatga aaataaattt gctacggtat1860
     gaggaagaaa taaaacttgt gtaatgttgg tcataatact gctataaata taataaaggg1920
     ttatgtagaa ttgaactgac aaaaaaaaaa aaaaaaaaa
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

25

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 3708 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- 30 (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81:

```
gcccctatta tcacgcacgg tagacaagct tttttttt ttttttta cagcttataa 60 cacaacttt attagaaaag ttatacataa catagcatca actatttca agaacaatat 120 taaacccgat aagcaacaaa aaccagacta acaaaatgtg taacaagaaa ctaatgacct 180 ttctaaaatc aaacattcaa ttatctacaa tgtctttta caaaccgggga aaactccttg 240 gtttacaggc acatcatatt gaatataaag ctgcaatagc aattttatac aattaccact 300 ctgaagaaac tgaatcatta aaacagtaat tacgagttca caaatttaaa acatttcaca 360 taattttaaa ttattgggta tacactgaag tctgagttc aaaagtgatt ttttttccc 420 acaaaagtt caacacttaa gctagaactt tcagtgttaa ctttgcccta aaaagttaag 480 acatattctg ataatcataa cagtcacatg attctgatg ctatctggtc tgttaataat 540
```

```
aaagtettta tttggatgta tttttettea attaaattae aggaaactgg atataggatt 600
     tcgttgcaac gctattaaag ttccaaacca ggagtgtgca gcactggaaa aggagatcag 660
     tactaaaact tacaataaat atcagagaag ccgttagttt ttacagcatc gtctgcttaa 720
     aagctaagtt gaccaggtgc ataatttccc atcagtctgt ccttgtagta ggcagggcaa 780
     tttctgtttt catgatcgga atactcaaat atatccaaac atctttttaa aactttgatt 840
     tatageteet agaaagttat gttttttaat agteaeteta etetaateag geetagettt 900
     gctcattttg gagcctcact aaaataacag atttcagtat agccaagttc atcagaaaga 960
     ctcaaatgga atgatttaca aaatagaaca ctttaaacca ggtcagtcct atcttttgt1020
     agctgaaggc tatcagtcat aacacaattt cqcqtacacc tctqctcatt atqqaattac1080
10
     acttaaaacg aatctcaaga gggtgaccat tgttgtttca gataccatcc ctaaggagag1140
     tggttaacag gaagattgcc agtgttactg atggaaagaa gtgtttgttt gtttttttt1200
     cttgtcaaag acttacacca tagttttaaa ttaaactgtc aggcattttc tcagacaggt1260
     tttccttttc aatgcagtaa tgaagaacta agataaaaat catgactttt gactgccact1320
     caacattatt acatgcacca atattgcaca catctgttct gaactgttaa aatcatcttc1380
15
     tgagtccttg gggtgctgtt ttctccatca gaacacaaac acaacccatc taatcagttt1440
     ccctcaaaga tgaaattgac aaatttaatg tactggaaaa aaatgaagaa ggaaaaaggc1500
     aaagactttg tacagacaaa aatctaagtt ttctcaaagg gttctgtgtc ccctacacat1560
     gggggcaatt tgtaagcact agtgaatcaa acactagcta taatgcttct agctccttat1620
     ataatatgga accttggtcc aggtgttgcg atgatgtcac tgtacggttc ttcctgtgtc1680
20
     ageteaatag ettgetgett tttaagaace aagaagetgt agaaetttge ggeagettgt1740
     tttctgttcg tatttcgaca taactcaagc aaactgatag attcagctcc agttttagca1800
     agagcacgct gaagaccatg aagcatctgc tgagtccttt tgttccatct tctttcttcc1860
     tgatettgat egececetga tgeatettea tectetteet etteateate ttetttttee1920
     ttctctttct ccttctctt ttctggcaga agttctaact ctggtattag ctgacagata1980
25
     tttggaggtt cttctggggg aagctctaca ggtggtattt cccatctgct ctgggtcaat2040
     ttgtccagct tttcgcttaa ctccctgagg tggtggtgga ggcatagctg actcatctat2100
     gtttgttctg ctggcctcca tcactgactc ctggaggcgg cttggctctt caataatggg2160
      ctcatcgata acatcacgct gctgatgctg ctgttgctgg tcctctctag gaacctctgg2220
      attitcaaat tettigagga atteateeaa attatetgee teteeteett teeteetttt2280
30
     tctaaggtct tctggtacaa gcggtgtaag acagcgtgta aagagcttca gtagtctgtt2340
      attccacaaa ggctgagcag gtaaagaaaa cagtttttct actcctcctg tctctttcca2400
      catcatcaat ttcttggtgg cggtgccaga tccaaagtag taacaatatc tgaataatca2460
      ctaagttggg ctctaattgt cttgctatcc aactctttga cactgtcaac aattagcttc2520
      ctcttcctct tggcttttgt ttctttaaca gttatatcaa taggctccaa tgcaaatgct2580
35
      tcttcctcat ttggaacaag tgttgtttga tcagtcatgg ttggcattgg ttcaacggga2640
      tecactgaat caggactate aggeecacee attgatacat tateateete atecatateg2700
      tcatgtgcag gctgctctgg caacatcacc cctgcctcag agagggcagg gggatcatca2760
      aagataccgc catcattatt actaataagt ttgtcatcta atattccacc atcatttcct2820
      tctccaaaat tatcatcctt atattgatct tcatattcta aatggttaat tttctcattc2880
40
      agattgctgg tgctctgttc agactctaat aggaggttag aagtagtagt gcttactaac2940
      atgtcgtcat cctcaaaagc actgccttct ctcattatct cacqatcatc cattccaaaa3000
      tcaccaaaat cattttcttg taaaatactg atgttcccaa cttcttctct catggttatc3060
      tcttccactc tactctgatt caagctgaac tgctgggcca catcgatgtc atctaagtca3120
      ggcagtggct gatcaaagtc atgaaattct tcaggtaaag taatggcatt ataagctgct3180
45
      tecegatttt eeteaggeag qteaaceaca eetgeeegaa aageeatett tatettaatg3240
      aatgetteat tacagtetge aagaaggtat ttggetttee tgtgatagat tegaactact3300
      cccagtaaga gatgtcctga tgtccgtaat gccattttta cctttggtga gatgatactc3360 -
      ttccacgctg ctctctaaat tacactcgaa cacatgggct ttggttagct tcttatccca3420
      atgggccgct agccaaattc ttgccagagg ccctctttta ctgagaacaa aatgtgcgta3480
50
      gaacattgtt ctggctggct atgaaaacag aagaaaacct tgctctccgc tgggagttgg3540
      gcgggctggg tggcccgggg aggggaaaag ggtcggggga ggggtgggg aaagggggga3600
      gcccttgcga ggtgtagctt ccgagcagct ccccggcccc cacagccggc gcctccttcc3660
      cgattcactc aaacaaacaa gatggctgcc gttaacccgc ggctcttc
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3045 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

60 (C) STRANG: einzel

- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 10 (vi) HERKUNFT:

5

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82:

```
gtccattgcc caaaatccgc tatgaaagct tgaccaatcc ccagtaaatt agacctctgg 60
     gaaaagaget gecatattae ecatacecea aacaaceaag ategaactet cactattgtg 120
20
     gatactggaa ttggaatgac caaggctgac ttgatcaata accttggtac tatcgccaag 180
     tctgggacca aagcgttcat ggaagctttg caggctggtg cagatatctc tatgattggc 240
     cagtteggtg ttggttttta ttetgettat ttggttgetg agaaagtaac tgtgateacc 300
     aaacataacg atgatgagca gtacgcttgg gagtcctcag cagggggatc attcacagtg 360
     aggacagaca caggigaacc tatgggtcgt ggaacaaaag ttatcctaca cctgaaagaa 420
25
     gaccaaactg agtacttgga ggaacgaaga ataaaggaga ttgtgaagaa acattctcag 480
     tttattggat atcccattac tctttttgtg gagaaggaac gtgataaaga agtaagcgat 540
      gatgaggctg aagaaaagga agacaaagaa gaagaaaaag aaaaagaaga gaaagagtcg 600
      gaagacaaac ctgaaattga agatgttggt tctgatgagg aagaagaaaa gaaggatggt 660
      gacaagaaga agaagaagaa gattaaggaa aagtacatcg atcaagaaga gctcaacaaa 720
30
      acaaagccca tetggaccag aaateeegae gatattaeta atgaggagta eggagaatte 780
      tataagaget tgaccaatga etgggaagat caettggeag tgaageattt tteagttgaa 840
      ggacagttgg aattcagagc cettetattt gteceaegae gtgeteettt tgatetgttt 900
      gaaaacagaa agaaaaagaa caatatcaaa ttgtatgtac gcagagtttt catcatggat 960
      aactgtgagg agctaatccc tgaatatctg aacttcatta gaggggtggt agactcggag1020
35
     gatetecete taaacatate eegtgagatg ttgcaacaaa gcaaaatttt gaaagttate1080
      aggaagaatt tggtcaaaaa atgcttagaa ctctttactg aactggcgga agataaagag1140
      aactacaaga aattctatga gcagttctct aaaaacataa agcttggaat acacgaagac1200
      tctcaaaatc ggaagaagct ttcagagctg ttaaggtact acacatctgc ctctggtgat1260
      gagatggttt ctctcaagga ctactgcacc agaatgaagg agaaccagaa acatatctat1320
40
      tatatcacag gtgagaccaa ggaccaggta gctaactcag cctttgtgga acgtcttcgg1380
      aaacatggct tagaagtgat ctatatgatt gagcccattg atgagtactg tgtccaacag1440
      ctgaaggaat ttgaggggaa gactttagtg tcagtcacca aagaaggcct ggaacttcca1500
      gaggatgaag aagagaaaaa gaagcaggaa gagaaaaaaa caaagtttga gaacctctgc1560
      aaaatcatga aagacatatt ggagaaaaaa gttgaaaagg tggttgtgtc aaaccgattg1620
45
      gtgacatete catgetgtat tgtcacaage acatatgget ggacageaaa catggagaga1680
      atcatgaaag ctcaagccct aagagacaac tcaacaatgg gttacatggc agcaaagaaa1740
      cacctggaga taaaccctga ccattccatt attgagacct taaggcaaaa ggcagaggct1800
      gataagaacg acaagtctgt gaaggatctg gtcatcttgc tttatgaaac tgcgctcctg1860
      tettetgget teagtetgga agatececag acacatgeta acaggateta caggatgate1920
 50
      aaacttggtc tgggtattga tgaagatgac cctactgctg atgataccag tgctgctgta1980
      actgaagaaa tgccacccct tgaaggagat gacgacacat cacgcatgga agaagtagac2040
      taatctctgg ctgagggatg acttacctgt tcagtactct acaattcctc tgataatata2100
       ttttcaagga tgttttctt tatttttgtt aatattaaaa agtctgtatg gcatgacaac2160
       tactttaagg ggaagataag atttctgtct actaagtgat gctgtgatac cttaggcact2220
 55
       aaagcagagc tagtaatgct ttttgagttt catgttggtt tattttcaca gattggggta2280
       acgtgcactg taagacgtat gtaacatgat gttaactttg tgtggtctaa agtgtttagc2340
       tgtcaagccg gatgcctaag tagaccaaat cttgttattg aagtgttctg agctgtatct2400
```

```
tgatgttag aaaagtatte gttacatett gtaggateta etttttgaae tttteattee2460 etgtagttga caattetgea tgtactagte etettagaaat aggttaaaet gaageaaett2520 gatggaagga teeteeaaa gggettgttt teeaaagaaa agtattgttt ggaggageaa2580 agttgatggaa atgtagtget egagteaeat teetgettaaa ggtgaaeae ataeaeteag acceagtett2640 gttagaggaa atgtgtgae agtgetetat taggggggaa aggggagtat etggatgaeae eaagggttga eatgtaaaa eatgagege tageaggaga tggtaaaea eatgetee2820 geaeaggaaaa eaggaatgea gaeaaeatge ateeeetgeg teeatgggt aeatgtgtee2840 aeatgtgee2840 etcatagtgee2840 etca
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2815 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

20

15

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83:

```
cagtggcggc gcaaccagcc ttctagggcg gcggaggagt ggagtcaaca tatcaatgga 60
     gcaagtcaca gtcgtcgatg ccagcttctt cttgaaatct acccagaatg gaatcctgac 120
     aatgatacag gacacacaat gggtgatcca ttcatgttgc agcagtctac aaatccagca 180
     ccaggaattc tgggacctcc acctccctca tttcatcttg ggggaccagc agttggacca 240
40
     agaggaaatc tgggtgctgg aaatggaaac ctgcaaggac ctagacacat gcagaaaggc 300
     agagtggaaa ctagcagagt tgttcacatc atggattttc aacgagggaa aaacttgaga 360
     taccagetat tacagetggt agaaccattt ggagtcattt caaatcatet gattetaaat 420
     aaaattaatg aggcatttat tgaaatggca accacagagg atgctcaggc cgcagtggat 480
     tattacacaa ccacaccage gttagtattt ggcaagccag tgagagttca tttatcccag 540
45
     aagtataaaa gaataaagaa acctgaagga aagccagatc agaagtttga tcaaaagcaa 600
     gagettggae gtgtgataca teteageaat ttgeegeatt etggetatte tgatagtget 660
      gttctcaagc ttgctgagcc ttatgggaaa ataaagaatt acatattgat gaggatgaaa 720
      agtcaggctt ttattgagat ggagacaaga gaagatgcaa tggcaatggt tgaccattgt 780
      ttgaaaaaag ccctttggtt tcaggggaga tgtgtgaagg ttgacctgtc tgagaaatat 840
50
      aaaaaactgg ttctgaggat tccaaacaga ggcattgatt tactgaaaaa agataaatcc 900
      cgaaaaagat cttactctcc agatggcaaa gaatctccaa gtgataagaa atccaaaact 960
      gatggttccc agaagactga gagttcaacc gaagtaaaga acaagaagag aagtccggtg1020
      aagatggtga gaaagacaca aaggatgacc agacagagca ggaacctaat atgcttcttg1080
      aatctgaaga tgagctactt gtagatgaag aagaagcagc agcactgcta gaaagtggcall40
55
      gttcagtggg agacgagacc gatcttgcta atttaggtga tgtggcttct gatgggaaaa1200
```

```
aggaaccatc agataaagct gtgaaaaaag atggaagtgc ttcagcagca gcaaagaaaa1260
     agettaaaaa ggtggacaag ategaggaae ttgatcaaga aaacgaagca gegttggaaa1320
     atggaattaa aaatgaggaa aacacagaac caggtgctga atcttctgag aacgctgatg1380
     atcccaacaa agatacaagt gaaaacgcag atggtcaaag tgatgagaac aaggacgact1440
     atacaatccc agatgagtat agaattggac catatcagcc caatgttcct gttggtatag1500
     actatgtgat acctaaaaca gggttttact gtaagctgtg ttcactcttt tatacaaatg1560
     aagaagttgc aaagaatact cattgcagca gccttcctca ttatcagaaa ttaaagaaat1620
     ttctgaataa attggcagaa gaacgcagac agaagaagga aacttaagat gtgcaaggag1680
     atttaatgat ttcaaagaaa ataatggttc tttgttttta atgttaacct tttttaaata1740
     caatactgat agttagaaga aaactattgt actcttttgt tttagtggag aaataataga1800
10
     tgtctgttca tgtgttaagt gttatagcaa aaaaaataca catatggtta agttaatgaa1860
     tagtttttgt tttatcagaa tggcaacaga cagaagtact ttgtagagat tgacttccta1920
     agctacttaa gacaacttgc accactaaga aaaaaatgta gaaccatttg gaaaaatgaa1980
     atttagtagt tccaagtttc aaagaaatgt caacatttta ttccattcaa taaagaacaa2040
     aaccaatagt gttttatta ctttcatctg aaacattcca tgttttaatc tgagccttgc2100
15
     agactttcat ttggagtttg aacccgtttt ggttgcattt catttttgga gaacttaatt2160
     aacgtgagat tggcaattga aatgcaggtg cagttttctg ttaatgtcat gctgttgttt2220
     aggtaataag aaatattaag taattggctt tagattttgt aattttttc cctgagttcc2280
     tgctagattt cgtattctag tagtcaatgt attttcagtg aaatgcaaaa atattcccat2340
     tatetttgac cagtattaat ttttgagate ttactgettg teacttgaat ecegtgattg2400
20
      tcatacatct ctggtataag caacatttga tttttgaagt gtgtagacca tctcttcata2460
      ttttcaagat gtaattttac atttctgcat ttttaaaaca gtttggccat aatcctagat2520
      gcacgettet aatteatgta eetgeacatg tgacetttgt gaacagaaat ttgcatgtat2580
      aatttgtgtt tacttgtaac tttctggtta tatactgctt atatctgtgg attcaagtta2640
      ctgaagtgaa taccaataaa aagaaaaccc taggccatgt taattggtta tacatgtttg2700
25
      gaatgttaac caaaaaaaa aacagttgtg gtttttattc gctcttaaac tttgtgcatg2760
      ctttaacaat ttatcgcttt taaatctaga gtgaattcct aaagagctgc cgcta
```

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 3462 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
- 35 (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84:
- ctggatcgta caagaaggga gacaaggacc actgacaaga taaggcctag caggaaacga 60 55 agcggctctt tccgctatct gccgcttgtc caccggaagc gagttgcgac acggcaggtt 120 cccgcccgga agaagcgacc aaagcgcctg aggaccggca acatggtgcg gtcggggaat 180

```
aaggcagctg ttgtgctgtg tatggacgtg ggctttacca tgagtaactc cattcctggt 240
     atagaatccc catttgaaca agcaaagaag gtgataacca tgtttgtaca gcgacaggtg 300
     tttgctgaga acaaggatga gattgcttta gtcctgtttg gtacagatgg cactgacaat 360
     cecettettg gtggggatca gtatcagaac atcacagtgc acagacatet gatgetacca 420
     gattttgatt tgctggagga cattgaaagc aaaatccaac caggttctca acaggctgac 480
5
     ttcctggatg cactaatcgt gagcatggat gtgattcaac atgaaacaat aggaaagaag 540
     tttgagaaga ggcatattga aatattcact gacctcagca gccgattcag caaaagtcag 600
     ctggatatta taattcatag cttgaagaaa tgtgacatct ccctgcaatt cttcttgcct 660
     tteteacttg geaaggaaga tggaagtggg gacagaggag atggeeeett tegettaggt 720
     ggccatgggc cttcctttcc actaaaagga attaccgaac agcaaaaaga aggtcttgag 780
10
     atagtgaaaa tggtgatgat atctttagaa ggtgaagatg ggttggatga aatttattca 840
     ttcagtgaga gtctgagaaa actgtgcgtc ttcaagaaaa ttgagaggca ttccattcac 900
     tggccctgcc gactgaccat tggctccaat ttgtctataa ggattgcagc ctataaatcg 960
     attctacagg agagagttaa aaagacttgg acagttgtgg atgcaaaaac cctaaaaaaa1020
     gaagatatac aaaaagaaac agtttattgc ttaaatgatg atgatgaaac tgaagtttta1080
15
     aaagaggata ttattcaagg gttccgctat ggaagtgata tagttccttt ctctaaagtg1140
     gatgaggaac aaatgaaata taaatcggag gggaagtgct tctctgtttt gggattttgt1200
     aaatcttete aggtteagag aagattette atgggaaate aagttetaaa ggtetttgea1260
     gcaagagatg atgaggcagc tgcagttgca ctttcctccc tgattcatgc tttggatgac1320
     ttagacatgg tggccatagt tcgatatgct tatgacaaaa gagctaatcc tcaagtcggc1380
20
     gtggcttttc ctcatatcaa gcataactat gagtgtttag tgtatgtgca gctgcctttc1440
     atggaagact tgcggcaata catgttttca tccttgaaaa acagtaagaa atatgctccc1500
     accgaggeac agttgaatge tgttgatget ttgattgaet ccatgagett ggcaaagaaa1560
      gatgagaaga cagacaccct tgaagacttg tttccaacca ccaaaatccc aaatcctcga1620
      tttcagagat tatttcagtg tctgctgcac agagetttac atccccggga gcctctaccc1680
25
      ccaattcagc agcatatttg gaatatgctg aatcctcccg ctgaggtgac aacgaaaagt1740
      cagatteete tetetaaaat aaagaeeett ttteetetga ttgaageeaa gaaaaaggat1800
      caagtgactg ctcaggaaat tttccaagac aaccatgaag atggacctac agctaaaaaa1860
      ttaaagactg agcaaggggg agcccacttc agcgtctcca gtctggctga aggcagtgtc1920
      acctctgttg gaagtgtgaa tcctgctgaa aacttccgtg ttctagtgaa acagaagaag1980
30
      gccagctttg aggaagcgag taaccagctc ataaatcaca tcgaacagtt tttggatact2040
      aatgaaacac cgtattttat gaagagcata gactgcatcc gagccttccg ggaagaagcc2100
      attaagtttt cagaagagca gcgctttaac aacttcctga aagcccttca agagaaagtg2160
      gaaattaaac aattaaatca tttctgggaa attgttgtcc aggatggaat tactctgatc2220
      accaaagagg aagcctctgg aagttctgtc acagctgagg aagccaaaaa gtttctggcc2280
35
      cccaaagaca aaccaagtgg agacacagca gctgtatttg aagaaggtgg tgatgtggac2340
      gatttattgg acatgatata ggtcgtggat gtatggggaa tctaagagag ctgccatcgc2400
      tgtgatgctg ggagttctaa caaaacaagt tggatgcggc cattcaaggg gagccaaaat2460
      ctcaagaaat tcccagcagg ttacctggag gcggatcatc taattctctg tggaatgaat2520
      acacacatat atattacaag ggataattta gaccccatac aagtttataa agagtcattg2580
 40
      ttattttctg gttggtgtat tatttttct gtggtcttac tgatctttgt atattacata2640
      catgetttga agtttetgga aagtagatet tttettgace tagtatatea gtgacagttg2700
      cagcccttgt gatgtgatta gtgtctcatg tggaaccatg gcatggttat tgatgagttt2760
      cttaaccett tecagagtee teetttgeet gateeteeaa cagetgteae aacttgtgtt2820
       gagcaagcag tagcatttgc ttcctcccaa caagcagctg ggttaggaaa accatgggta2880
 45
       aggacggact cacttctctt tttagttgag gccttctagt taccacatta ctctgcctct2940
       gtatataggt ggttttcttt aagtggggtg ggaaggggag cacaatttcc cttcatactc3000
       cttttaagca gtgagttatg gtggtggtct catgaagaaa agaccttttg gcccaatctc3060.
       tgccatatca gtgaaccttt agaaactcaa aaactgagaa atttactaca gtagttagaa3120
       ttatatcact tcactgttct ctacttgcaa gcctcaaaga gagaaagttt cgttatatta3180
  50
       aaacacttag gtaacttttc ggtctttccc atttctacct aagtcagctt tcatctttgt3240
       ggatggtgtc tcctttacta aataagaaaa taacaaagcc cttattctct ttttttcttg3300
       tecteattet tgeettgagt tecagtteet etttggtgta cagaettett ggtacceagt3360
       cacctetgte tteageacce teataagteg teactaatae acagttttgt acatgtaaca3420
                                                                        3462
       55
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 668 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85:

20 atagggeegg tgetgeetge ggaageegge ggetgagagg cagegaacte atetttgeea 60 gtacaggage tegtgeegtg geeacaagee cacageecae ageeatgge tgggaeetga120 cggtgaagat getggeggge aacgaattee aggtgteeet gageagetee atgteggtg180 cagagetgaa ggegagate acceagaaga teggegtgea egeetteeag cagegtetgg240 ctgteeacee gageggtgtg gegetgagg acaagtgee cettgeeage cagggeetgg300 geeeeggeag caeggteetg etggtggtg acaaatgega egaacetetg ageateetg360 tgaggaataa caagggeege ageageacet acgaggtgeg getgaegga eeeetgg360 accetgaagea geaagtgae gggetggagg gtgtgeagga egaeetgtee tggetgaeet420 accetgaaggaa geeeetggag gaeeagetee egetgggga gtaeggeete aageeeetg340 geaeegtgtt catgaatetg egeetgegg gaggeggaa agageetge gggetggage gaeeetga540 aagggeetee accageatee gagagagate aagggeegga aataaagget gtgtgaaaga660 gaaaaaaaa 668

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

35

40

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 671 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86:

```
5 ggaaaccggt ctcattgaac tcgcctgcag ctcttgggtt ttttgtggct tccttcgtta 60 ttggagccag gcctacaccc cagcaaccat gccaaggga cctgcagttg gtattgatct120 tggcaccacc tactcttgtg tgggtgttt ccagcacgga aaagtcgaga taattgccaa180 tgatcaggga aaccgaacca ctccaagcta tgtcgccttt acggacactg aacggttgat240 cggtgatgcc gcaaagaatc aagttgcaat gaaccccacc aacacagttt ttgatggca360 ctttatggtg gtgaatgatg ctggcaggc caaggtccaa gtagaataca agggagagac420 caaaagcttc tatccagagg aggtgtctc tatggttctg acaaagatga aggaaattgc480 atgactctca gcgtcaggct accaaaagat tgctgggaac tttgatggc cacagtgcca gcttacttta540 atgactctca gcgtcaggct accaaaagat tgcctggtaa ttctttacg ggtttggca660 tttaggaatt atttaatgga gccaactttg tgcctggtaa ttctttacg ggtttggca660 aaaaaaaggtt t
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

- 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1108 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

25

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 35 (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88:

```
agtggaggag ggagagacgc tggcccggga cccgaggggc gtgggcatcg ggaggcgggc 60
     ccgggttagg ggcgggaccg ccgcctggtt aaaggcgctt atttcccagg cagccgctgc 120
     agtogocaca cotttgococ tgotgogatg accotgtogo cacttotgot toggaogtoc 180
     ccacggcggc ggtgcaggcg tcccctctgc aagcgttaga cttctttggg aatgggccac 240
45
     cagttaacta caagacaggc aatctatacc tgcgggggcc cctgaagaag tccaatgcac 300
     cgcttgtcaa tgtgaccctc tactatgaag cactgtgcgg tggctgccga gccttcctga 360
     tccgggagct cttcccaaca tggctgttgg tcatggagat cctcaatgtc acgctggtgc 420
     cctacggaaa cgcacaggaa caaaatgtca gtggcaggtg ggagttcaag tgccagcatg 480
     gagaagagga gtgcaaattc aacaaggtgg aggcctgcgt gttggatgaa cttgacatgg 540
50
     agctagcett cetgaccatt gtetgcatgg aagagtttga ggacatggag agaagtetge 600
      cactatgeet geagetetae geeceaggge tgtegeeaga cactateatg gagtgtgeaa 660
      tgggggaccg cggcatgcag ctcatgcacg ccaacgccca gcggacagat gctctccagc 720
      caccgcacga gtatgtgccc tgggtcaccg tcaatgggaa acccttggaa gatcagaccc 780
      ageteettae cettgtetge cagttgtace agggeaagaa geeggatgte tgeeetteet 840
55
```

```
caaccagete ecteaggagt gtttgettea agtgatggee ggtgagetge ggagagetea 900 tggaaggega gtgggaacee ggetgeetge etttttet gatecagace eteggeacet 960 getacttace aactggaaaa ttttatgeat eccatgaage ecagatacae aaaatteeac1020 eccatgatea agaateetge teeactaaga atggtgetaa agtaaaacta gtttaataag1080 eccaaaaaaaa aaaacegegt eggtegae 1108
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 720 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

25

10

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT: (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89:

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

45

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 837 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

```
(iii) HYPOTHETISCH: NEIN
```

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90:

```
15
     ctctcgcgag gattggctgt tagcggcgtt gtagttaagc tcgtgtaacg gcggcggtgt 60
     cggcagctgc tgtagcgaag agagtttggc gcgatgtctc acaccatttt gctggtacag120
     cctaccaaga ggccagaagg cagaacttat gctgactacg aatctgtgaa tgaatgcatg180
     gaaggtgttt gtaaaatgta tgaagaacat ctgaaaagaa tgaatcccaa cagtccctct240
     atcacatatg acatcagtca gttgtttgat ttcatcgatg atctggcaga cctcagctgc300
20
     ctggtttacc gagctgatac ccagacatac cagccttata acaaagactg gattaaagag360
     aagatctacg tgctccttcg tcggcaggcc caacaggctg ggaaataatt gtgttggaag420
     cactgggggg gttggggtgg gcttggaaca caggtgtgta cagcgtgctg tagtggaagt480
     tttgtatcat agtaatcctg tttccacttt gttatactct agccaagatt gactgtatta540
     gatgaaatgt gaggatettg tteaategga aacceeegtt accteetett tttettete600
     tttctttttt ttttttact taaacatttt tatgatgatt tagatggaag ttgttcttcg660
     tcacttaatg ttggttccag tccttcaact gttcatatct actttataac attcacatac720
     taacccttct tcaagatggg gtggggggtg gaaatgcagt ttagccatgt cctcaagata780
     aagtcttggt aaaaataaat aaatgtcctt tagttataaa aaaaaaaaa aaaaaaa
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 498 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

30

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91:

```
qtaqqqtcaq cqtcqqagqc qgtaqtqacq qtqqcqtttc cttqaggaaq agtqagggtt 60
     ccaacttttc tgcttatctg ggaggtgttg ggcgcggaca gtcgagatgt cagagaaaaa120
     gcagccggta gacttaggtc tgttagagga agacgacgag tttgaagagt tccctgccga180
5
     agactgggct ggcttagatg aagatgaaga tgcacatgtc tgggaggata attgggatga240
     tgacaatgta gaggatgact tctctaatca gttacgagct gaactagaga aacatggtta300 ·
     taagatggag acttcatagc atccagaaga agtgttgaag taacctaaac ttgacctgct360
     taatacattc tagggcagag aacccaggat gggacactaa aaaaatgtgt ttatttcatt420
     atctgcttgg atttatttgt gtttttgtaa cacaaaaaat aaatgttttg atataaaaag480
10
     gaaagagaaa aattgcgg
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1077 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 25

30

15

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92: 35

```
cqqctcqaqc tqqtacaaca qqqcacacqt qtttcacqtt qacaqqtttg cttgggacgc 60
     tagtaaccat gggcttgctg acttagccaa agaagagtta agaagaaaat acacacaagt 120
     atacagactg ttcctagttt cttagactta tctgcatatt ggataaaata aatgcaattg 180
40
     tgctcttcat ttaggatgct ttcattgtct ttaagatgtg ttaggaatgt caacagagca 240
     aggagaaaaa aggcagtcct ggaatcacat tcttagcaca cctacacctc ttgaaaatag 300
     aacaacttgc agaattgaga gtgattcctt tcctaaaagt gtaagaaagc atagagattt 360
     gttcgtattt agaatgggat cacgaggaaa agagaaggaa agtgattttt ttccacaaga 420
     tctgtaatgt tatttccact tataaaggaa ataaaaaatg aaaaacatta tttggatatc 480
     aaaagcaaat aaaaacccaa ttcagtctct tctaagcaaa attgctaaag agagatgaac 540
45
     cacattataa agtaatcttt ggctgtaagg cattttcatc tttccttcgg gttggcaaaa 600
     tattttaaag gtaaaacatg ctggtgaacc aggggtgttg atggtgataa gggaggaata 660
     tagaatgaaa gactgaatct tcctttgttg cacaaataga gtttggaaaa agcctgtgaa 720
     aggtgtcttc tttgacttaa tgtctttaaa agtatccaga gatactacaa tattaacata 780
50
     agaaaagatt atatattatt totgaatoga gatgtocata gtoaaatttg taaatottat 840
     tcttttgtaa tatttattta tatttattta tgacagtgaa cattctgatt ttacatgtaa 900
      aacaagaaaa gttgaagaag atatgtgaag aaaaatgtat ttttcctaaa tagaaataaa 960
      tgatcccatt ttttggtaaa aaaaagtatg tgagatttat tcgtaaacgt gactacttta1020
      tttctaaata agagattccc tacctgcgtc ctacaagcag ttcagaatgc catgcct
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1755 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 20

25

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93:

```
cgcagggctg cttgtgatct ggtacgagga ttatgcaaqt tttttqaggq acctqtqaca 60
     ggaatcttct ctggttatgt taattccatg ctgcaggaat acgcaaaaaa tccatctgtc 120
     aactggaaac acaaagatgc agccatctac ctagtgacat ctttggcatc aaaagcccaa 180
     acacagaagc atggaattac acaagcaaat gaacttgtaa acctaactga gttctttgtg 240
30
     aatcacatcc tccctgattt aaaatcagct aatgtgaatg aatttcctgt ccttaaagct 300
     gacggtatca aatatattat gatttttaga aatcaagtgc caaaagaaca tcttttagtc 360
     tcgattcctc tcttgattaa tcatcttcaa gctgaaagta ttgttgttca tacttacgca 420
     gctcatgctc ttgaacggct ctttactatg cgagggccta acaatgccac tctctttaca 480
     gctgcagaaa tcgcaccgtt tgttgagatt ctgctaacaa accttttcaa agctctcaca 540
35
     cttcctggct cttcagaaaa tgaatatatt atgaaaqcta tcatgagaag tttttctctc 600
     ctacaagaag ccataatccc ctacatccct actctcatca ctcagcttac acagaagcta 660
     ttagctgtta gtaagaaccc aagcaaacct cactttaatc actacatgtt tgaagcaata 720
     tgtttatcca taagaataac ttgcaaagct aaccctgctg ctgttgtaaa ttttgaggag 780
     gctttgtttt tggtgtttac tgaaatctta caaaatgatg tgcaagaatt tattccatac 840
40
     gtctttcaag tgatgtcttt gcttctggaa acacacaaaa atgacatccc gtcttcctat 900
     atggccttat ttcctcatct ccttcagcca gtgctttggg aaagaacagg aaatattcct 960
     gctctagtga ggcttcttca agcattctta gaacgcggtt caaacacaat agcaagtgct1020
     gcagctgaca aaattcctgg gttactaggt gtctttcaga agctgattgc atccaaagcal080
     aatgaccacc aaggttttta tottotaaac agtataatag agcacatgcc tootgaatcall40
45
     gttgaccaat ataggaaaca aatcttcatt ctqctattcc agagacttca gaattccaaa1200.
     acaaccaagt ttatcaagag ttttttagtc tttattaatt tgtattgcat aaaatatggg1260
     gcactagcac tacaagaaat atttgatggt atacaaccaa aaatgtttgg aatggttttg1320
     gaaaaaatta ttattcctga aattcagaag gtatctggaa atgtagagaa aaagatctgt1380
     gcggttggca taaccaaatt actaacagaa tgtcccccaa tgatggacac tgagtatacc1440
50
     aaactgtgga ctccattatt acagtctttg attggtcttt ttgagttacc cqaagatgat1500
     accattectg atgaggaaca ttttattgac atagaagata caccaggata tcagactgcc1560
     ttctcacagt tggcatttgc tgggaaaaaa gagcatgatc ctgtaggtca aatggtgaat1620
      aaccccaaaa ttcacctggc acagtcactt cacaagttgt ctaccgcctg tccaggaagg1680
      gttccatcaa tggcaaagaa ctctgtgata aatggagact ttaatgggag ggcaaaaggal740
55
      tagtagtagt tctgg
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1545 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

55

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94:

```
gttcggcgag cgagcacctt cgacgcggtc cggggacccc tcgtcgctgt cctcccgacg 60
     eggaceeggt geeceagget egegetgeee ggeagggtge tegtgteeca eteceggege 120
     acgcctcccg cgagtcccgg gcccctcccg cgcccctctt ctcggcgcgc gcgcagatgg 180
     gcgccccgc aggtcctcgc gttcgggctt ctgcttgccg cggcgacggc gacttttgcc 240
     gcagctcagg aagaatgtgt ctgtgaaaac tacaagctgg ccgtaaactg ctttgtgaat 300
30
     aataatcgtc aatgccagtg tacttcagtt ggtgcacaaa atactgtcat ttgctcaaag 360
     ctggctgcca aatgtttggt gatgaaggca gaaatgaatg gctcaaaact tgggagaaga 420
     gcaaaacctg aaggggccct ccagaacaat gatgggcttt atgatcctga ctgcgatgag 480
     agcgggctct ttaaggccaa gcagtgcaac ggcacctcca tgtgctggtg tgtgaacact 540
     gctggggtca gaagaacaga caaggacact gaaataacct gctctgagcg agtgagaacc 600
35
     tactggatca tcattgaact aaaacacaaa gcaagagaaa aaccttatga tagtaaaagt 660
     ttgcggactg cacttcagaa ggagatcaca acgcgttatc aactggatcc aaaatttatc 720
     acgagtattt tgtatgagaa taatgttatc actattgatc tggttcaaaa ttcttctcaa 780
     aaaactcaga atgatgtgga catagctgat gtggcttatt attttgaaaa agatgttaaa 840
     ggtgaatcct tgtttcattc taagaaaatg gacctgacag taaatgggga acaactggat 900
40
     ctggatcctg gtcaaacttt aatttattat gttgatgaaa aagcacctga attctcaatg 960
     cagggtctaa aagctggtgt tattgctgtt attgtggttg tggtgatagc agttgttgct1020
     ggaattgttg tgctggttat ttccagaaag aagagaatgg caaagtatga gaaggctgag1080
     ataaaggaga tgggtgagat gcatagggaa ctcaatgcat aactatataa tttgaagatt1140
     atagaagaag ggaaatagca aatggacaca aattacaaat gtgtgtgcgt gggacgaaga1200
45
     catctttgaa ggtcatgagt ttgttagttt aacatcatat atttgtaata gtgaaacctg1260
     tactcaaaat ataagcagct tgaaactggc tttaccaatc ttgaaatttg accacaagtg1320
     tcttatatat gcagatctaa tgtaaaatcc agaacttgga ctccatcgtt aaaattatt1380
     atgtgtaaca ttcaaatgtg tgcattaaat atgcttccac agtaaaatct gaaaaactga1440
     tttgtgattg aaagctgcct ttctatttac ttgagtcttg tacatacata cttttttatg1500
50
```

- 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:
- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1133 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKULTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 15 (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95:

```
gcgcggtatt atcgggtaga catctcgcac cgcgtctcgg aaaccggtag cgcttgcagc 60
     atggctgacc aactgactga agagcagatt gcagaattca aagaagcttt ttcactattt 120
     gacaaagatg gtgatggaac tataacaaca aaggaattgg gaactgtaat gagatctctt 180
25
     gggcagaatc ccacagaagc agagttacag gacatgatta atgaagtaga tgctgatggt 240
     aatggcacaa ttgaacttcc ctgaatttct ggacaaggat ggcaagaaaa atgaaagaca 300
     cagacagtga agaagaaatg agagaagcat tccgtgtgtt tgataaggat gqcaaqqqct 360
     atatgagtgc tgcagaactt cgccatgtga tgacaaacct tggagagaag ttaacagatg 420
     aagaagttga tgaaatgatc agggaagcag atattgatgg tgatggtcaa gtaaactatg 480
30
     aagagtttgt acaaatgatg acagcaaagt gaagaccttg tacagaatgt gttaaatttc 540
     ttgtacaaaa ttgtttattt gccttttctt tgtttgtaac ttatctgtaa aaggtttctc 600
     cctactgtca aaaaaatatg catgtatagt aattaggact tcattcctcc atgttttctt 660
     cccttatctt actgtcattg tcctaaaacc ttattttaga aaagttgatc aaggtaacat 720
     gttgcatgtg gcttactctg gggaaatatc taagcccttc tgcacatcta aacttagatg 780
35
     gagttggtca aatgagggaa catctgggtt atgccttttt taaagtagtt ttctttagga 840
     actgtcagca tgttgttgtt gaagtgtgga gttgtaactc tgcgtggact atggacagtc 900
     aacaatatgt acttaaaagt tgcactattg caaaacgggt gtattatcca ggtactcgta 960
     cactattttt ttgtactgct ggtcctgtac cagaaacatt ttcttttatt gttacttgct1020
     ttttaaactt ggtttagcca cttaaaatct gcttatggca caatttgccc caaaatccat1080
40
     tccaagttgt atatttgttt tccaataaaa aaattacaat ttacccaaaa aaa
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: 45
 - (A) LÄNGE: 791 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

```
(iii) ANTI-SENSE: NEIN
```

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96:

gccgcccgcg cggacccggc gagaggcggc ggcgggagcg gcggtgatgg acgggtccgg 60 ggagcagccc agaggcgggg ggcccaccag ctctgagcag atcatgaaga caggggccct120 15 tttgcttcag ggtttcatcc aggatcgagc agggcgaatg ggggggggg cacccgagct180 ggccctggac ccggtgcctc aggatgcgtc caccaagaag ctgagcgagt gtctcaagcg240 catcggggac gaactggaca gtaacatgga gctgcagagg atgattgccg ccgtggacac300 agactccccc cgagaggtct ttttccgagt ggcagctgac atgttttctg acggcaactt360 caactggggc cgggttgtcg cccttttcta ctttgccagc aaactggtgc tcaaggccct420 20 gtgcaccaag gtgccggaac tgatcagaac catcatgggc tggacattgg acttcctccg480 ggagcggctg ttgggctgga tccaagacca gggtggttgg gacggcctcc tctcctactt540 tgggacgccc acgtggcaga ccgtgaccat ctttgtggcg ggagtgctca ccgcctcact600 caccatctgg aagaagatgg gctgaggccc ccagctgcct tggactgtgt ttttcctcca660 taaattatgg catttttctg ggaggggtgg ggattggggg acatgggcat ttttcttact720 25 tttgtaatta ttggggggtg tggggaagag tggtcttgag ggggtaataa acctccttcg780 ggacacaaaa a

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

- 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 599 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

35

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 45 **(C) ORGAN**:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97:

tectgeette accatgaagt ceageggeet etteceette etggtgetge ttgeeetggg 60 aactetggea cettgggetg tggaaggete tggaaagtee tteaaagetg gagtetgtee120

```
tcctaagaaa tctgcccagt gccttagata caagaaacct gagtgccaga gtgactggca180 gtgtccaggg aagaagagat gttgtcctga cacttgtggc atcaaatgcc tggatcctgt240 tgacacccca aacccaacaa ggaggaagcc tgggaagtgc ccagtgactt atggccaatg300 tttgatgctt aacccccca atttctgtga gatggatggc cagtgcaagc gtgacttgaa360 gtgttgcatg ggcatgtgtg ggaaatcctg cgtttcccct gtgaaagctt gattcctgc420 atatggagga ggctctggag tcctgctctg tgtggtccag gtcctttcca ccctgagact480 tggctccacc actgatatcc tcctttgggg aaaggcttgg cacacagcag gctttcaaga540 agtgccagtt gatcaatgaa taaataaacg agcctatttc tctttgcaaa aaaaaaaaa 599
```

10

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 643 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

50

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98:

```
35 gggcccgcgg ctcgggcgta ggaggcggtg cctctgcagc aagcgtgggg cgcgggaacc 60 cgagcaggac tctccagtcc tcagtcacct tggacaaaga agtgtggatc ctcagattcc120 atctttcca actccaaggt gccatggcag agaaggtgct ggtaacaggt ggggctggct180 acattggcag ccacacggtg ctggaggtg tggaggctgg ctacttgcct gtggaggtg gtccctgcc tgagagcctg cgggggtcc300 aggagctgac aggccgctct gtggaggttg aggagtgga cattttggac cagggagcc360 tacagcgtct cttcaaaaag tacagcttta tggcggtcat ccactttgcg gggctcaagg420 ccgtgggcga gtcggtcag aagcctctgg attattacag agttaacctg acggggcca480 ccactgtgta cgggaacccc cagtacctgc ccccttgaat gagggccac ccacggggt600 ggatgtaaca accttacgga agtccaaatt tctttatctt ttc 643
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 860 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99:

```
ctcgagccgc tcgagccgat tcggctcgag tgcctccaga ggactggcca cattttgcct 60
     agataaagat gcacttagag atgaatatga tgatctctca gatttgaatg cagtacaaat120
20
     ggagagtgtt cgagaatggg aaatgcagtt taaagaaaaa tatgattatg taggcagact180
     cctaaaacca ggagaagaac catcagaata tacagatgaa gaagatacca aggatcacaa240
     taaacaggat tgaactttgt aaacaaccaa agtcaggggc cttcagaact gcaattctta300
     ctccctttca cagactgtcc qqaqtctttq qqtttqattc acctqctqcq aaaaacattc360
     aacaaattgt gtacaagata aattaatctc actatgaaga tttgaataac tagacattat420
25
     ttatgctgcc aaactcattt gttgcagttg tttgtaatgt ctagtggggc ttcatcatcc480
     tgaaaagaag gagacaggga tttttttaaa gagcaagaaa gtcacaatat tacttctttc540
     ctteetttt teettette ettettett tetettett tettttaaa atatattgaa600
     gacaaccaga tatgtatttg ctactcaaqt gtacagatct cctcaagaaa catcaaggga660
     ctcctgtgtc acatactgtg tttttatttt aacatgggtg agggaggcga cctgatcagg720
30
     ggaggtgggg gtacacatca atttgagttg ttcaggctac tgaaacatta aaatgtgaat780
     tcccaaactt ttcttttgg cattgttcgg gggataggga aatatcgttt ttaaaggagt840
     cttgggaatt gggtgtggga
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

35

40

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1155 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100:

```
eggggetege ceageetggt eeggggagag gaetggetgg geaggggege egeeeegeet 60
    cgggagaggc gggccgggcg gggctgggag tatttgaggc tcggagccac cgccccgccg 120
    gegeeegeag caeeteeteg ceageageeg teeggageea geeaaegage ggaaaatgge 180
    agacaatttt tegeteeatg atgegttate tgggtetgga aacceaaace etcaaggatg 240
    gcctggcgca tgggggaacc agcctgctgg ggcagggggc tacccagggg cttcctatcc 300
10
    tggggcctac cccgggcagg cacccccagg ggcttatcct ggacaggcac ctccaggcgc 360
    ctaccctgga gcacctggag cttatcccgg agcacctgca cctggagtct acccagggcc 420
    acccagegge cetggggeet acceatette tggacageca agtgecaceg gageetacee 480
    tgccactggc ccctatggcg cccctgctgg gccactgatt gtgccttata acctgccttt 540
    gcctggggga gtggtgcctc gcatgctgat aacaattctg ggcacggtga agcccaatgc 600
15
    aaacagaatt gctttagatt tccaaagagg gaatgatgtt gccttccact ttaacccacg 660
    cttcaatgag aacaacagga gagtcattgt ttgcaataca aagctggata ataactgggg 720
    aagggaagaa agacagtcgg ttttcccatt tgaaagtggg aaaccattca aaatacaagt 780
    actggttgaa cctgaccact tcaaggttgc agtgaatgat gctcacttgt tgcagtacaa 840
    tcatcgggtt aaaaaactca atgaaatcag caaactggga atttctggtg acatagacct 900
20
    caccagtgct tcatatacca tgatataatc tgaaaggggc agattaaaaa aaaaaaaaga 960
    atctaaacct tacatgtgta aaggtttcat gttcactgtg agtgaaaatt tttacattca1020
     aggggggggg tgggt
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 522 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

25

30

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101:

```
aaaaatattt getggaaatt getgtgtagg attacaggeg tgaccaetge geeeggeeac 60 atteagttet tateaaggaa ataaceaga ettaatettg aatgataega ttatgeecaa120 tattaagtaa aaaatataag aaaaggttat ettaaataga tettaggeaa aataceaget180 gatgaaggea tetgatgeet teatetgte agteatetee aaaaacagta aaaataaeca240 ettttgttg ggeaatatga aattettaaa ggagtagaat aceaaatgat agaaacagac300 tgeetgaatt gagaattttg atteettaaa gtgtgtteet teetaaattg etgtteeetta360
```

atttgattaa tttaattcat gtattatgat taaatctgag gcagatgagc ttacaagtat420 tgaaataatt actaattaat cacaaatgtg aagttatgca tgatgtaaaa aatacaaaca480 ttctaattaa aggctttgca acacaaaaa aagaaaaaaa aa 522

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1628 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 20 (vi) HERKUNFT:

10

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102:

```
ccagetegee etgeetagee aggggegeee egeeeetge etgeeeggee acetteggga 60
30
     geogetteea ataggegtte gecattgget etggegacet eegegegttg ggaggtgtag 120
     cgcggctctg aacgcgctga gggccgttga gtgtcgcagg cggcgagggc gcgagtgagg 180
     agcagaccca ggcatcgcgc gccgagaagg ccgggcgtcc ccacactgaa ggtccggaaa 240
     ggcgacttcc gggggctttg gcacctggcg gaccctcccg gagcgtcggc acctgaacgc 300
     gaggegetee attgegegtg egegttgagg ggetteeege acetgatege gagaeeceaa 360
35
     eggetggtgg egtegeetge gegtetegge tgagetggee atggegeagt gtgegggetg 420
     aggeggageg ggegtttete geeetgetgg gategetget eetetetggg gteetggegg 480
     ccgaccgaga acgcagcatc cacgacttct gcctggtgtc gaaggtggtg ggcagatgcc 540
     gggcctccat gcctaggtgg tggtacaatg tcactgacgg atcctgccag ctgtttgtgt 600
     atgggggctg tgacggaaac agcaataatt acctgaccaa ggaggagtgc ctcaagaaat 660
40
     gtgccactgt cacagagaat gccacgggtg acctggccac cagcaggaat gcagcggatt 720
     cctctgtccc aagtgctccc agaaggcagg attctgaaga ccactccagc gatatgttca 780
     actátgaaga atactgcacc gccaacgcag tcactgggcc ttgccgtgca, tccttcccac 840
     gctggtactt tgacgtggag aggaactcct gcaataactt catctatgga ggctgccggg 900
     gcaataagaa cagctaccgc tctgaggagg cctgcatqct ccgctgcttc cgccagcagg 960
45
     agaatcctcc cctgcccctt ggctcaaagg tggtggttct ggcggggctg ttcgtgatgg1020
     tgttgatcct cttcctggga gcctccatgg tctacctgat ccgggtggca cggaggaacc1080
     aggagcgtgc cctgcgcacc gtctggagct ccggagatga caaggagcag ctggtgaagall40
     acacatatgt cctgtgaccg ccctgtcgcc aagaggactg gggaagggag gggagactat1200
     gtgtgagctt tttttaaata gagggattga ctcggatttg agtgatcatt agggctgagg1260
50
     tetgtttete tgggaggtag gaeggetget teetggtetg geagggatgg gtttgetttg1320
     gaaatcctct aggaggctcc tcctcgcatg gcctgcagtc tggcagcagc cccgagttgt1380
     ttcctcgctg atcgatttct ttcctccagg tagagttttc tttgcttatg ttgaattccal440
     ttgcctcttt tctcatcaca gaagtgatgt tggaatcgtt tcttttgttt gtctgatttal500
     tqqttttttt aagtataaac aaaagttttt tattagcatt ctgaaagaag gaaagtaaaa1560
55
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 605 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 20

5

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103:

cctggcagct gtcggctgga aggaactggt ctgctcacac ttgctggctt gcgcatcagg 60
actggcttta tctcctgact cacggtgcaa aggtgcactc tgcgaacgtt aagtccgtcc120
ccagcgcttg gaatcctacg gccccacag ccggatcccc tcagccttcc aggtcctcaa180
ctcccgcgga cgctgaacaa tggcctccat ggggctacag gtaatgggca tcgcgctggc240
30 cgtcctgggc tggctggcg tcatgctgtg ctgcgcgctg cccatgtggc gcgtgacggc300
cttcatcggc agcaacattg tcacctcgca gaccatctgg gagggcctat ggatgaactg360
cgtggtgcag agcaccggc agatgcagtg caaggtgtac gactcgctgc tggcactgc420
gcaggacctg caggcggcc gcgcctcgt catcatcage atcatcgtgg ctgctctggg480
cgtgctgctg tccgtggtgg ggggcgaagt gtaacaaact tgcctggagg attaaaagcg540
35 ccaagggcaa gaacatgatt cgttggcggg cgtgggtgtt tctgtttggg ccggcctaat600
gggtg

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2731 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- 45 (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105:

```
10
     aggggggcgg acagacacag actatgcaga tgggagtqaa qacaaaqtag tagaaqtaqc 60
     agaggaggaa gaagtggctg aggtggagga cgatgaggat ggtgatgagg tagaggaaga 120
     ggctgaggaa ccctacgaag aagccacaga gagacacaga gtctgtggaa gaggtggttc 180
     gagaggtgtg ctctgaacaa gccgagacgg ggccgtgccg agcaatgatc tcccgctggt 240
     actitigatgi gactgaaggg aagtgigeee catteittia eggeggatgi ggeggeaace 300
15
     ggaacaactt tgacacagaa gagtactgca tggccgtgtg tggcagcgcc attcctacaa 360
     cagcagccag tacccctgat gccgttgaca agtatctcga gacacctggg gatgagaatg 420
     aacatgccca tttccagaaa gccaaagaga ggcttgaggc caagcaccga gagagaatgt 480
     cccaggtcat gagagaatgg gaagaggcag aacgtcaagc aaagaacttg cctaaagctg 540
     ataagaaggc agttatccag catttccagg agaaagtgga atctttggaa caggaagcag 600
20
     ccaacgagag acagcagctg gtggagacac acatggccag agtggaagcc atgctcaatg 660
     accgccgccg cctggccctg gagaactaca tcaccgctct gcaggctgtt cctcctcggc 720
     ctcgtcacgt gttcaatatg ctaaagaagt atgtccgcgc agaacagaag gacagacagc 780
     acaccetaaa geatttegag catgtgegea tggtggatee caagaaagee geteagatee 840
     ggtcccaggt tatgacacac ctccgtgtga tttatgagcg catgaatcag tctctctcc 900
25
     tgctctacaa cgtgcctgca gtggccgagg agattcagga tgaagttgat gagctgcttc 960
     agaaagagca aaactattca gatgacgtct tggccaacat gattagtgaa ccaaggatca1020
     gttacggaaa cgatgctctc atgccatctt tgaccgaaac gaaaaccacc gtggagctcc1080
     ttcccgtgaa tggagagttc agcctggacg atctccagcc gtggcattct tttggggctg1140
     actitytyce agccaacaca gaaaacgaag ttgagectyt tyatycecye cetyctyceg1200
30
     accgaggact gaccactcga ccaggttctg ggttgacaaa tatcaagacg gaggagatct1260
     ctgaagtgaa gatggatgca gaattccgac atgactcagg atatgaagtt catcatcaaa1320
     aattggtgtt ctttgcagaa gatgtgggtt caaacaaagg tgcaatcatt ggactcatgg1380
     tgggcggtgt tgtcatagcg acagtgatcg tcatcacctt ggtgatgctg aagaagaaac1440
     agtacacatc cattcatcat ggtgtggtgg aggttgacqc cqctqtcacc ccaqaqqaqc1500
     gccacctgtc caagatgcag cagaacggct acgaaaatcc aacctacaag ttctttgagc1560
     agatgcagaa ctagaccccc gccacagcag cctctgaagt tggacagcaa aaccattgct1620
     tcactaccca tcggtgtcca tttatagaat aatgtgggaa gaaacaaacc cgttttatga1680
     tttactcatt atcgcctttt gacagctgtg ctgtaacaca agtagatgcc tgaacttgaa1740
     ttaatccaca catcagtaat gtattctatc tctctttaca ttttggtctc tatactacat1800
40
     tattaatggg ttttgtgtac tgtaaagaat ttagctgtat caaactagtg catgaataga1860
      ttctctcctg attatttatc acatagcccc ttagccagtt gtatattatt cttgtggttt1920
     gtgacccaat taagtcctac tttacatatg ctttaagaat cgatggggga tgcttcatgt1980
      gaacgtggga gttcagctgc ttctcttgcc taagtattcc tttcctgatc actatgcatt2040
      ttaaagttaa acattttaa gtatttcaga tgctttagag agatttttt tccatgactg2100
45
      cattttactg tacagattgc tgcttctgct atatttgtga tataggaatt aagaggatac2160
      acacgtttgt ttcttcgtgc ctgttttatg tgcacacatt aggcattgag acttcaagct2220
      tttctttttt tgtccacgta tctttgggtc tttgataaag aaaagaatcc ctgttcattg2280
      taagcacttt tacggggcgg gtggggaggg gtgctctgct ggtcttcaat taccaagaat2340
      tetecaaaac aattttetge aggatgattg tacagaatca ttgettatga catgateget2400
50
      ttctacactg tattacataa ataaattaaa taaaataacc ccgggcaaga cttttctttg2460
      aaggatgact acagacatta aataatcgaa gtaattttgg gtggggagaa gaggcagatt2520
      caattttctt taaccagtct gaagtttcat ttatgataca aaagaagatg aaaatggaag2580
      tggcaatata aggggatgag gaaggcatgc ctggacaaac ccttcttta agatgtgtct2640
      tcaatttgta taaaatggtg ttttcatgta aataaataca ttcttggagg agccaaaaaa2700
55
      aactatatta ctggcaggtt tataatatgg c
                                                                       2731
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2194 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 15 **(C) ORGAN:**
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106:

```
gaattcagaa gttaatgatg ttgggtaaga gaacaatggt aagagagcaa tctaaqaata 60
     tatcacctac tttaatttta tatgagagta catggaggta gctgtgatgt ggaaatgtag 120
     cactgctcct acccacgcag atttattcca gtgaaacaac aactggaact tcaagtaact 180
25
     cctcccagag tacttccaac tctgggttgg ccccaaatcc aactaatgcc accaccaagg 240
     cggctggtgg tgccctgcag tcaacagcca gtctcttcgt ggtctcactc tctcttctgc 300
     atctctactc ttaagagact caggccaaga aacgtcttct aaatttcccc atcttctaaa 360
     cccaatccaa atggcgtctg gaagtccaat gtggcaagga aaaacaggtc ttcatcgaat 420
     ctactaattc cacacctttt attgacacag aaaatgttga gaatcccaaa tttgattgat 480
30
     ttgaagaaca tgtgagaggt ttgactagat gatggatgcc aatattaaat ctgctggagt 540
     ttcatgtaca agatgaagga gaggcaacat ccaaaatagt taagacatga tttccttgaa 600
     tgtggcttga gaaatatgga cacttaatac taccttgaaa ataagaatag aaataaagga 660
     tgggattgtg gaatggagat tcagttttca tttggttcat taattctata aggccataaa 720
     acaggtaata taaaaagctt ccatgattct atttatatgt acatgagaag gaacttccag 780
     gtgttactgt aattcctcaa cgtattgttt cgacagcact aatttaatgc cgatatactc 840
35
     tagatgaagt tttacattgt tgagctattg ctgttctctt gggaactgaa ctcactttcc 900
     tectgagget ttggatttga cattgcattt gacettttat gtagtaattg acatgtgcca 960
     gggcaatgat gaatgagaat ctaccccag atccaagcat cctgagcaac tcttgattat1020
     ccatattgag tcaaatggta ggcatttcct atcacctgtt tccattcaac aaqaqcacta1080
     cattcattta gctaaacgga ttccaaagag tagaattgca ttgaccgcga ctaattcaal140
40
     aatgcttttt attattatta ttttttagac agtctcactt tgtcgcccag gccggagtgc1200
     agtggtgcga tctcagatca gtgtaccatt tgcctcccgg gctcaagcga ttctcctgcc1260
     tcagcctccc aagtagctgg gattacaggc acctgccacc atgcccggct aatttttgta1320
     attitagtag agacagggtt tcaccatgtt gcccaggctg gtttcgaact cctgacctca1380
45
     ggtgatccac ccgcctcggc ctcccaaagt gctgggatta caggcttgag cccccgcgcc1440
     cagccatcaa aatgcttttt atttctgcat atgttgaata ctttttacaa tttaaaaaaa1500
      tgatctgttt tgaaggcaaa attgcaaatc ttgaaattaa gaaggcaaaa atqtaaaqqa1560
      gtcaaaacta taaatcaagt atttgggaag tgaagactgg aagctaattt gcattaaatt1620
      cacaaacttt tatactcttt ctgtatatac attttttttc tttaaaaaaac aactatggat1680
50
      cagaatagcc acatttagaa cactttttgt tatcagtcaa tatttttaga tagttagaac1740
      ctggtcctaa gcctaaaagt gggcttgatt ctgcagtaaa tcttttacaa ctgcctcgac1800
      acacataaac ctttttaaaa atagacactc cccgaagtct tttgttcgca tggtcacaca1860
      ctgatgctta gatgttccag taatctaata tggccacagt agtcttgatg accaaagtcc1920
      tttttttcca tctttagaaa actacatggg aacaaacaqa tcqaacagtt ttgaagctac1980
      tgtgtgtgt aatgaacact cttgctttat tccagaatgc tgtacatcta ttttggattg2040
      tatattgtgt ttgtgtattt acqctttgat tcatagtaac ttcttatgga attgatttgc2100
      attgaacaca aactgtaaat aaaaagaaat ggctgaaaga gcaaaaaaaa aggaaagaaa2160
      aaagaaaaaa aaaagaaaaa aaaaaggggg aggc
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1812 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 20

25

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107:

```
cggaaggtgg accttggatg aattttgacg agaacaagtt cgtggaccga agaagatggg 60
     ggccgcacgc ccaggcccgg gccccgacga ggccgaggtg gacacctgcc ccctgcgcaa 120
     aggaaacatg aaacagaccc tacaggcagc totgaaqaac coccotatca acaccaaqag 180
     tcaggcagtg aaggaccggg caggcagcat tgtcttgaag gtgctcatct cttttaaagc 240
30
     taatgatata gaaaaggcag ttcaatctct ggacaagaat ggtgtggatc tcctaatgaa 300
     gtatatttat aaaggatttg agagcccgtc tgacaatagc agtgctatgt tactgcaatg 360
     gcatgaaaag gcacttgctg ctggaggagt agggtccatt gttcgtgtct tgactgcaag 420
     aaaaactgtg tagtctggca ggaagtggat tatctgcctc gggagtggga attgctggta 480
     caaagaccaa aacaaccaaa tgccaccgct gccctgtggg tagcatctgt ttctctcagc 540
35
     tttgccttct tgctttttca tatctgtaaa gaaaaaaatt acatatcagt tgtcctttaa 600
     tgaaaattgg gataatatag aagaaattgt gttaaaatag aagtgtttca tcctttcaaa 660
     accatttcag tgatgtttat accaatctgt atatagtata atttacattc aagtttaatt 720
     gtgcaacttt taacccctgt tggctggttt tttgttctgt tttgttttgt attatttta 780
     actaatactg agagatttgg tcagaatttg aggccagttt cctagctcat tgctagtcag 840
40
     gaaatgatat ttataaaaaa tatgagagac tggcagctat taacattgca aaactggacc 900
     atatttccct tatttaataa gcaaaatatg tttttggaat aagtggtggg tgaataccac 960
     tgccaagtta tagctttgtt tttgcttgcc tcctgattat ctgtactgtg ggtttaagta1020
     tgctactttc tctcagcatc caataatcat ggcccctcaa tttatttgtg gtcacccagg1080
     gttcagagca agaagtcttg ctttatacaa atgtatccat aaaatatcag agcttgttgg1140
45
     gcatgaacat caaacttttg ttccactaat atggctctgt ttggaaaaaa ctgcaaatca1200
     gaaagaatga tttgcagaaa gaaagaaaaa ctatqqtqta atttaaactc tqqqcaqcct1260
     ctgaatgaaa tgctactttc tttagaaata taatagctgc cttagacatt atgaggtata1320
     caactagtat ttaagatacc atttaatatg ccccgtaaat gtcttcagtg ttcttcaggg1380
     tagttgggat ctcaaaagat ttggttcaga tccaaacaaa tacacattct gtgttttagc1440
50
     tcagtgtttt ctaaaaaaag aaactgccac acagcaaaaa attgtttact ttgttggaca1500
     aaccaaatca gttctcaaaa aatgaccggt gcttataaaa agttataaat atcgagtagc1560
     tctaaaacaa accacctgac caagagggaa gtgagcttgt gcttagtatt tacattggat1620
     gccagttttg taatcactga cttatgtgca aactggtgca gaaattctat aaactctttg1680
     55
     cagaaaataa aatgtcagtg ttgaataaaa taaaaaaaca aattgaagaa gaggatggag1800
     atttcgactt gg
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 890 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

10

5

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 20 (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108:

```
aacgactcct ggtaccttgc tcccattact tcccgttttc tcgatctgct gctcgtctca 60
     ggctcgtagt tcgccttcaa catgccggaa ccagcgaagt ccgctcccgc gcccaagaag120
     ggctcgaaga aagccgtgac taaggcgcag aagaaggacg gcaagaagcg caaggcagcc180
30
     gcaaggagag ctactccgta tacgtgtaca aggtgctgaa gcaggtccac cccgacaccq240
     gcatctcctc taaggccatg ggaatcatga actccttcgt caacgacatc ttcgaacgca300
     tcgcgggtga ggcttcccgc ctggcgcatt acaacaagcg ctcgaccatc acctccaggg360
     agatccagac ggccgtgcgc ctgctgctgc ccggggagtt ggccaagcac gccgtgtccg420
     agggcaccaa ggccgtcacc aagtacacca gcgctaagta aacttgccaa ggagggactt480
35
     tctctggaat ttcctgatat gaccaagaaa gcttcttatc aaaagaagca caattgcctt540
     cggttacctc attatctact gcagaaaaga agacgagaat gcaaccatac ctagatggac600
     ttttccacaa gctaaagctg gcctcttgat ctcattcaga ttccaaagag aatcatttac660
     aagttaattt ctgtctcctt ggtccattcc ttctctctaa taatcattta ctgttcctca720
     aagaattgtc tacattaccc atctcctctt ttgcctctga gaaagagtat ataagcttct780
     gtaccccact ggggggttgg ggtaatattc tgtggtcctc agccctgtac cttaataaat840
     ttgtatgcct tttctcttaa aaaaaaaaa aagaagaagg aagaggatgc
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2627 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

WO 99/53040 227

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110:

```
ggcacgagat gtgaaaaggt tttgtgtaca ccacctccaa aaataaaaaa tggaaaacac 60
15
     acctttagtg aagtagaagt atttgagtat cttgatgcag taacttatag ttgtgatcct 120
     gcacctggac cagatccatt ttcacttatt ggagagagca cgatttattg tggtgacaat 180
     tcagtgtgga gtcgtgctgc tccagagtgt aaagtggtca aatgtcgatt tccagtagtc 240
     gaaaatggaa aacagatatc aggatttgga aaaaaatttt actacaaagc aacagttatg 300
     tttgaatgcg ataagggttt ttacctcgat ggcagcgaca caattgtctg tgacagtaac 360
20
     agtacttggg atcccccagt tccaaagtgt cttaaagtgt cgacttcttc cactacaaaa 420
     tetecagegt ceagtgeete aggteetagg cetaettaca ageeteeagt eteaaattat 480
     ccaggatatc ctaaacctga ggaaggaata cttgacagtt tggatgtttg ggtcattgct 540
     gtgattgtta ttgccatagt tgttggagtt gcagtaattt gtgttgtccc gtacagatat 600
     cttcaaagga ggaagaagaa agggaaagca gatggtggag ctgaatatgc cacttaccag 660
25
     actaaatcaa ccactccagc agagcagaga ggctgaatag attccacaac ctggtttgcc 720
     agttcatctt ttgactctat taaaatcttc aatagttgtt attctgtagt ttcactctca 780
     tgagtgcaac tgtggcttag ctaatattgc aatgtggctt gaatgtaggt agcatccttt 840
     gatgcttctt tgaaacttgt atgaatttgg gtatgaacag attgcctgct ttcccttaaa 900
     taacacttag atttattgga ccagtcagca cagcatgcct qqttqtatta aagcaqqqat 960
30
     atgctgtatt ttataaaatt ggcaaaatta gagaaatata gttcacaatg aaattatatt1020
     ttctttgtaa agaaagtggc ttgaaatctt ttttgttcaa agattaatgc caactcttaa1080
     gattattett teaceaacta tagaatgtat tttatatate gtteattgta aaaageeett1140
     aaaaatatgt gtatactact ttggctcttg tgcataaaaa caagaacact gaaaattggq1200
     aatatgcaca aacttggctt ctttaaccaa gaatattatt ggaaaattct ctaaaagtta1260
35
     atagggtaaa ttctctattt tttgtaatgt gttcggtgat ttcagaaagc tagaaagtgt1320
     atgtgtggca tttgttttca ctttttaaaa catccctaac tgatcgaata tatcagtaat1380
     ttcagaatca gatgcatcct ttcataagaa gtgagaggac tctgacagcc ataacaggag1440
     tgccacttca tggtgcgaag tgaacactgt agtcttgttg ttttcccaaa gagaactccq1500
     tatgttctct taggttgagt aacccactct gaattctggt tacatgtgtt tttctctccc1560
40
     tccttaaata aagagagggg ttaaacatgc cctctaaaag taggtggttt tgaagagaat1620
     aaattcatca gataacctca agtcacatga gaatcttagt ccatttacat tgccttggct1680
     agtaaaagcc atctatgtat atgtcttacc tcatctccta aaaggcagag tacaaagtaa1740
     gccatgtatc tcaggaaggt aacttcattt tgtctatttg ctgttgattg taccaaggga1800
     tggaagaagt aaatatagct caggtagcac tttatactca ggcagatctc agccctctac1860
45
     tgagtccctt agccaagcag tttctttcaa agaagccagc aggcgaaaag cagggactgc1920
     cactgcattt catatcacac tgttaaaagt tgtgttttga aattttatgt ttagttgcac1980
      aaattgggcc aaagaaacat tgccttgagg aagatatgat tggaaaatca agagtgtaga2040
      agaataaata ctgttttact gtccaaagac atgtttatag tgctctgtaa atgttccttt2100
      cctttgtagt ctctggcaag atgctttagg aagataaaag tttgaggaga acaaacagga2160
50
      attctgaatt aagcacagag ttgaagttta tacccgtttc acatgctttt caagaatgtc2220
      gcaattacta agaagcagat aatggtgttt tttagaaacc taattqaaqt atattcaacc2280
      aaatacttta atgtataaaa taaatattat acaatatact tgtatagcag tttctgcttc2340
      acatttgatt ttttcaaatt taatatttat attagagatc tatatatgta taaatatgta2400
      ttttgtcaaa tttgttactt aaatatatag agaccagttt tctctggaag tttgtttaaa2460
55
      tgacagaagc gtatatgaat tcaagaaaat ttaagctgca aaaatgtatt tgctataaaa2520
      tgagaagtct cactgataga ggttctttat tgctcatttt ttaaaaaatg gactcttgaa2580
      atctgttaaa ataaaattgt acatttggaa aaaaaaaaa gccaaaa
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

5

10

20

50

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 976 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 15 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111:

```
ctcgagccgc gagattcccc cgaagttctc catgaagcgc ctcaccgccg gcctcatcgc 60
25
     cgtcatcgtg gtggtcgtgg tggccctcgt cgccggcatg gccgtcctgg tgatcaccaal20
     ccggagaaag tcggggaagt acaagaaggt ggagatcaag gaactggggg agttgagaaa180
     ggaaccgagc ttgtaggtac ccggcggggc aggggatggg gtggggtacc ggatttcggt240 ,
     atcgtcccag acccaagtga gtcacgcttc ctgattcctc ggcgcaaagg agacgtttat300
     cctttcaaat tcctgccttc cccctccctt ttgcgcacac accaggttta atagatcctg360
30
     gcctcagggt ctcctttctt tctcacttct gtcttgaagg aagcatttct aaaatgtatc420
     ccctttcggt ccaacaacag gaaacctgac tggggcagtg aaggaaggga tggcatagcg480
     ttatgtgtaa aaaacaagta tctgtatgac aacccgggat cgtttgcaag taactgaatc540
     cattgcgaca ttgtgaaggc ttaaatgagt ttagatggga aatagcgttg ttatcgcctt600
     gggtttaaat tatttgatga gttccacttg tatcatggcc tacccgagga gaagaggagt660
     ttgttaactg ggcctatgta gtagcctcat ttaccatcgt ttgtattact gaccacatat720
     gcttgtcact gggaaagaag cctgtttcag ctgcctgaac gcagtttgga tgtctttgag780
     gacagacatt gcccggaaac tcagtctatt tattcttcag cttgccctta ctgccactga840
     tattggtaat gttctttttt gtaaaatgtt tgtacatatg ttgtctttga taatgttgct900
     gtaatttttt aaaataaaac acgaatttaa taaaatatgg gaaaggcaca caaaaaaaaa960
40
     aaaaaaaa aaaaac
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1427 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

```
(iii) ANTI-SENSE: NEIN
```

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112:

```
cttccggggt gactgcctct tccagggcgg gcggtgtggt gcacgcattg ctgtgctcca
     acteceteag ggeetgtgtt geegeactet getgetatga getteeteaa aagtiteeeg 120
15
     ccgcctgggc cagcggaggg gctcctgcgg cagcagccag acactgaggc tgtgctgaac 180
     gggaagggcc tcggcactgg taccctttac atcgctqaga qccqcctqtc ttqqttaqat 240
     ggctctggat taggattctc actggaatac cccaccatta gtttacatgc attatccagg 300
     gaccgaagtg actgtctagg agagcatttg tatgttatgg tgaatgccaa atttgaagaa 360
     gaatcaaaag aacctgttgc tgatgaagaa gaggaagaca gtgatgatga tgttgaacct 420
20
     attactgaat ttagatttgt gcctagtgat aaatcagcgt tggaggcaat gttcactgca 480
     atgtgcgaat gccaggcctt gcatccagat cctgaggatg aggattcaga tgactacgat 540
     ggagaagaat atgatgtgga agcacatgaa caaggacagg gggacatccc tacattttac 600
     acctatgaag aaggattatc ccatctaaca gcagaaggcc aagccacact ggagagatta 660
     gaaggaatgc tttctcagtc tgtgagcagc cagtataata tggctggggt caggacagaa 720
25
     gattcaataa gagattatga agatgggatg gaggtggata ccacaccaac agttgctgga 780
     cagtttgagg atgcagatgt tgatcactga aaatgattta tgcaagttta agattctgct 840
     cctaagtgta ggagagaact tggtgcctct tccactctgg agtgaagtta atgaaagtct 900
     ttttcctttt ccaaaaccca acctgaacca gttctttctt gagacagact atactgagac 960-
     aacaagttgt caccagcaga agatagataa tatgaccttt attaacttga tgaattaact1020
30
     taaccaagag ggtatttgta gtttactatt taccctaaaa ctttctqtqt ctqqqtaccc1080
     tetgagtagg cetataatte etacettgae tgtgtgeate atttgtaage tageagatet1140
     atgtggtgaa aatgcacagg agcttggtag actgcggggg aaagagagag ctcctttcgc1200
     catgttttac cagtctgctg ttataacctc ttaggttgta tcctttaatt tccagccttt1260
     taggttagtt tctgtaacag aacaagtgag tctgggatga agtcctcaaa gtacttcaaa1320
35
     tggtaattgt tttgtttttg taatagctta acaaataaac ctaggttttc tatattaaaa1380
     aaaaaaaaa aaaaaaaaga aaggtacctg ccctaataat attctgc
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2639 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- 45 (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
- 55 (A) ORGANISMUS: MENSCH

5

55

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113:

```
tocotatott accettocog attotocttt tttottttot ttttttatat ggotttotto 60
     ttttctttct ttctttttc ttcccctttt tatttgacca gtgtaaataa caaacattta 120
10
     ttggtgtcac ttatggtaga aaaaacttcc tacaccagat gcacatgacc cagttgttaa 180
     atagaacatt ttgaaggtga acacacacc taacccaggt tttttacccg ctttttaaga 240
     tggccaattc ttcttctccc ccccacccaa agacatgtga gcaactgcta atgaaaagca 300
     gtaaacagcc gcttaggcta tagcagtttc aactccactc tgaggtgaag attccaatta 360
     cattcgagac ttaagttctt tcaatttttt cctaacaaaa gttcctgagt ccagtattta 420
15
     caatattaca gcactagcag atcagtgtct acaactcatc tttttctgct gtatcctctt 480
     caccagttgg gggagggcct gcacttccat agagtttgct gataattggt tgaacaattt 540
     cttccagttc cttcttctta gctttgaagt cttcaatgtc agcatcttgg tggctttcca 600
     gccattcaat cttttcttct acagcttttt ccatggtctc cttatcttca gaggaaagtt 660
     tacctcccag cttttcttta tctccaatct gattctttag agaataggca tagctttcca 720
20
     acteattect agtateaatg egeteettga getttttgte tteeteagea aactteteag 780
     catcattaac catcctttcg atttcttcag gtgtcaggcg attctggtca ttggtgattg 840
     tgatcttatt tttgttccct gtacccttgt cttcagctgt cactcgaaga ataccattca 900
     catctatete aaaggtgact teaatetgtg ggaceecacg aggageagga ggaatteeag 960
     tcagatcaaa tgtacccaga agatgattgt cttttgtcag gggtctttca ccttcataga1020
25
     ccttgattgt aacagttggt tgattatcag aagctgtaga aaagatctga gacttcttgg1080
     taggcaccac tgtgttcctt ggaatcagtt tggtcatgac acctcccaca gtttcaatac1140
     caagtgtaag gggacataca tcaagcagta ccaggtcacc tgtatcttga tcaccagaga1200
     gcacaccage etggacagea gcaccataeg etacagette atetgggttt atgccaeggg1260
     atggtteett gecattgaag aactetttaa eeagttgetg aatetttgga attegagteg1320
30
     agccaccaac aagaacaatt tcatcaatat cagacttctt caaatcagaa tcttccaaca1380
     ctttctggac gggcttcata gtagaccgga acagatccat gttgagctct tcaaatttgg1440
     cccgagtcag ggtctcagaa aagtcttctc cttcatagaa ggactcaatt tcaattcttg1500
     cttgatgctg agaagacagg gcccgtttgg ccttttctac ctcgcgccgg agtttctgcal560
     cagetetatt gtettteetg acatetttge cegtettett tttgtacagt ttgatgaagt1620
35
     gttccatgac acgctggtca aagtcttctc cacccagatg agtatctcca ttagtggcca1680
     caacttcgaa gacaccattg tcaatggtga gaagagacac atcgaaggtt ccgccaccca1740
     ggtcaaacac caggatgttc ttctcccct ccctcttatc caggccataa gcaatagcag1800
     ctgccgtagg ctcgttgatg atcctcataa catttaggcc agcaatagtt ccagcgtctt1860
     tggttgcttg gcgttgggca tcattaaaat aggctggtac agtaacaact gcatgggtaa1920
40
     ccttctttcc caaataagcc tcagcggttt ctttcatttt agtgagaacc atggcagaaa1980
     tttcttcagg agcaaatgtc tttgtttgcc cacctccaat atcaacttga atgtatggtt2040
     tagttttctt ttcaaccacc ttgaacggca agaacttgat gtcctgctgc acagacgggt2100
     cattccacgt geggeegatg ageogettgg egteaaagae egtgtteteg gggttggagg2160
     tgagctggtt cttggcggca tcgccaatca gacgttcccc ttcaggagtg aaggcgacat2220
45
     aggacggcgt gatgcggttg ccctgatcgt tggcgatgat ctccacgcgg ccgttcttga2280
     acacgccgac gcaggagtag gtggtcccca ggtcgatgcc gaccaccgtg cccacgtcct2340
      cettettgte etectecteg geeegegeeg egetgageag cageageate geggeeacea2400
      gggagagett catettgeca gecagttggg cageageagg cagtecagee acaggeegta2460
      gcacaggage acagegeaat tteegaettg caggeggeag gggeeegggg teacaaggeg2520
50
      ccacgaacca ggcgaagggc aggtctagaa atacaggccg cggcgcttcc ctctcacact2580
      cgcgaaacac cccaataggt caatctgtct gtgctgtctt ggccggcatc gacccttag 2639
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 634 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114:

```
ctcccgcgcg cgcggttaaa tccccgcacc tgagcatcgg ctcacacctg caccccgccc 60 gggcatagca ccatgcctgc ttgtcgccta ggcccgctag ccgccgccct cctcctcagc120 ctgctgctgt tcggcttcac cctagtctca ggcacaggag cagagaagac tggcggtgtgtgacacggacacctca aggctgacca gaactgcacg caagagtgcg tctcggacag cgaatgcgcc240 gacaacctca agtgctgcag cgcgggctgt gccaccttct gctctctgcc caatgataag300 gagggttcct gccccaggt gaacattaac tttccccagc tcggcctctg tcgggaccag360 tgccaggtgg acagccagtg tcctggccag atgaaatgct gccgcaatgg ctgtgggaag420 gtgtcctgtg tcactcccaa tttctgagct ccagccacca ccaggctgag cagtgaggag480 agaaagtttc tgcctggcc tgcatctggt tccagccac ctgccctcc ctttttcggg540 actctgtatt ccctcttggg ctgaccacag cttctcctt tcccaaccaa taaagtaacc600 actttcagca aaaaaaaaaa aaaaaaaca aaaaaaaca aaaa
```

- 30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 719 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
- 35 (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 45 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- 50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115:

```
gtcgactttt tttttttt tttaacatgg aaaagtattt ttaaaaatcg aataatccta 60
ttcaagtcaa ccagtgttaa ccccggtgtg cttcctgca gtctgttcct ccccatggga120
gtcacacaaa atgaaaatct cctagaaaga gaagacaaag acccgcaaaa gatgtatgcc180
accatctatg agctgaaaga agacaaaggc tacaatgtca cctccgtcct gtttaggaaa240
ctgggcaaca ttaagagtta ccctggatta acgagttacc tcgtccggc ggagttcacg300
ctgggcaaca agcatgctat ggtgttctc aagaaagtt ctcaaaacag ggagtacttc420
aagatcaccc tctacgggag aaccaaggag ctgacttcgg aactacaagga gaacttcatc480
cgcttctcca aatctctgg cccccctgaa aaccacatcg tcttccctgt cccaatcgac540
cagtggagct gggagaccct ccccaagtg ccacccatgc cgcccaacaa aaaaaaaaa 719
```

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 494 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 30 (vi) HERKUNFT:

20

25

35

50

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116:

```
gtcgataacg ccagacgcaa gacgccgggc ctacagcggg agcgtgagga aagccgtgcg 60
ttgcgttcca aggcatctgt gagcccgcgg agtatacacc atgagcaaag ctcaccctcc120
cgagttgaaa aaatttatgg acaagaagtt atcattgaaa ttaaatggtg gcagacatgt180
ccaaggaata ttgcggggat ttgatccctt tatgaacctt gtgatagatg aatgtgtgga240
gatggcgact agtggacaac agaacaatat tggaatggtg gtaatacgag gaaatagtat300
catcatgtta gaagccttgg aacgagtata aataatggct gttcagcaga gaaacccatg360
tcctctctc atagggcctg ttttactatg atgtaaaaat taggtcatgt acattttcat420
attagacttt ttgttaaata aacttttgta atagtcaaaa aaaagtttgg tctcatctac480
cttataatat ctgc
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1065 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel

- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:

10

15

40

45

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117:

```
acgoggotga ctacgotoaa agotocattg ttagatoott totgtootoo ttootggoto 60-
20
     ctecttecte eccaecete taataggete ataagtggge teaggeetet etgegggget 120
     cactetgege tteaceatgg ettteattge caagteette tatgacetea gtgecateag 180
     cctggatggg gagaaggtag atttcaatac gttccggggc agggccgtgc tgattgagaa 240
     tgtggcttcg ctctgaggca caaccacccg ggacttcacc cagctcaacg agctgcaatg 300
     cogotttccc aggogootgg tggtcottgg cttcccttgc aaccaatttg gacatcagga 360
25
     gaactgtcag aatgaggaga teetgaacag tetcaagtat gteegteetg ggggtggata 420
     ccagcccacc ttcacccttg tccaaaaatg tgaggtgaat gggcagaacg agcatcctgt 480
     cttcgcctac ctgaaggaca agctccccta cccttatgat gacccatttt ccctcatgac 540
     cgatcccaag ctcatcattt ggagccctgt gcgccgctca gatgtggcct ggaactttga 600
     gaagtteete atagggeegg agggagagee etteegaege taeageegea eetteeeaae 660
30
     catcaacatt gagcctgaca tcaagcgcct ccttaaagtt gccatataga tgtgaactgc 720
     tcaacacaca gatctcctac tccatccagt cctgaggagc cttaggatgc agcatgcctt 780
     caggagacac tgctggacct cagcattccc ttgatatcag tccccttcac tgcagagcct 840
     tgcctttccc ctctgcctgt ttccttttcc tctcccaacc ctctggttgg tgattcaact 900
     tgggctccaa gacttgggta agctctgggc cttcacagaa tgatggcacc ttcctaaacc 960
     ctcatgggtg gtgtctgaga ggcgtgaagg gcctggagcc actctgctag aagagaccaal020
     taaagggcag gtgtggaaaa aaaaaaaaa aaaaaaaa aaaaa
                                                                       1065
```

- 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:
- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 648 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120:

20

25

30

5

- 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1842 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121:

```
45 ctcgagccgc tcgagccgct gctcttgga gggggtagag atcaaaggcg gctccttccg 60
acttctccaa gagggccagg cactggagta cgtgtgtcct tctggcttct acccgtaccc 120
tgtgcagaca cgtacctgca gatctacggg gtcctggagc accctgaaga ctcaagacca 180
aaagactgtc aggaaggcag agtgcagagc aatccactgt ccaagaccac acgacttcga 240
gaacggggaa tactggccc ggtctcccta ctacaatgtg agtgatgaga tctctttcca 300
ctgctatgac ggttacactc tccggggctc tgccaatcgc acctgcaag tgaatggccg 360
gtggagtggg cagacagcga tctgtgacaa cggagcggg tactgccca acccgggcat 420
ccccattggc acaaggaagg tgggcagcca gtaccgcctt gaagacagcg tcacctacca 480
ctgcagccgg gggcttaccc tgcgtggctc ccagcggcga acgtgtcagg aaggtggctc 540
ttggagcggg acggagcctt cctgccaaga ctccttcatg tacgacacc ctcaagaggt 600
```

```
ggccgaagct ttcctgtctt ccctgacaga gaccatagaa ggagtcgatg ctgaggatgg 660
     gcacggccca ggggaacaac agaagcggaa gatcgtcctg gacccttcag gctccatgaa 720
     catctacctg gtgctagatg gatcagacag cattggggcc agcaacttca caggagccaa 780
     aaagtgtcta gtcaacttaa ttgagaaggt ggcaagttat ggtgtgaagc caagatatgg 840
5
     tctagtgaca tatgccacat accccaaaat ttgggtcaaa gtgtctgaag cagacagcag 900
     taatgcagac tgggtcacga agcagctcaa tgaaatcaat tatgaagacc acaagttgaa 960
     gtcagggact aacaccaaga aggccctcca ggcagtgtac agcatgatga gctggccaga1020
     tgacgtccct cctgaaggct ggaaccgcac ccgccatgtc atcatcctca tgactgatgg1080
     attgcacaac atgggcgggg acccaattac tgtcattgat gagatccggg acttgctatal140
     cattggcaag gatcgcaaaa acccaaggga ggattatctg gatgtctatg tgtttggggt1200
10
     cgggcctttg gtgaaccaag tgaacatcaa tgctttggct tccaagaaag acaatgagca1260
     acatgtgttc aaagtcaagg atatggaaaa cctggaagat gttttctacc aaatgatcga1320
     tgaaagccag tctctgagtc tctgtggcat ggtttgggaa cacaggaagg gtaccgatta1380
     ccacaagcaa ccatggcagg ccaagatctc agtcattcgc ccttcaaagg gacacgagag1440
15
     ctgtatgggg gctgtggtgt ctgagtactt tgtgctgaca gcagcacatt gtttcactgt1500
     ggatgacaag gaacactcaa tcaaggtcag cgtaggaggg gagaagcggg acctggagat1560
     agaagtagtc ctatttcacc ccaactacaa cattaatggg aaaaaagaag caggaattcc1620
     tgaattttat gactatgacg ttgccctgat caagctcaag aataagctga aatatggcca1680
     gactatcagg cccatttgtc tcccctgcac cgagggaaca actcgagctt tgaggcttcc1740
     tccaactacc acttgccagc aacaaaagga agagctgctc cccgcagaag agcaaagaaa1800
20
     gctgtgtttg tccggggga gaaaaaaacc gccccggggg gg
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

25

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1596 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- 30 (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122:

```
ggcgggtata aaagcccac ccaggccag cggctetget cagcatttgg ggacgctete 60
agctctcggc gcacggcca gcttccttca aaatgtctac tgttcacgaa atcctgtgca 120
agctcagctt ggagggtgat cactctacac ccccaagtgc atatgggtct gtcaaagcct 180
atactaactt tgatgctgag cgggatgett tgaacattga aacagccatc aagaccaaag 240
gtgtggatga ggtcaccatt gtcaacattt tgaccaaccg cagcaatgca cagaggacagg 300
atattgcctt cgcctaccag agaaggacca aaaaggaact tgcatcagca ctgaagtcag 360
ccttatctgg ccacctggag acggtgatt tgggcctatt gaagacacct gctcagtatg 420
acgcttctga gctaaaagct tccatgaagg ggctgggaac cgacgaggac tctctcattg 480
agatcatctg ctccagaacc aaccaggagc tgcaggaaat taacagagtc tacaaggaaa 540
```

```
tgtacaagac tgatctggag aaggacatta tttcggacac atctggtgac ttccgcaagc 600
     tgatggttgc cctggcaaag ggtagaagag cagaggatgg ctctgtcatt gattatgaac 660
     tgattgacca agatgctcgg gatctctatg acgctggagt gaagaggaaa ggaactgatg 720
     ttcccaagtg gatcagcatc atgaccgagc ggaggggccc cacctccaga aagtatttga 780
     taggtacaag agttacagcc cttatgacat gttggaaagc atcaggaaag aggttaaagg 840
     agacctggaa aatgctttcc tgaacctggt tcagtgcatt cagaacaagc ccctgtattt 900
     tgctgatcgg ctgtatgact ccatgaaggg caaggggacg cgagataagg tcctgatcag 960
     aatcatggtc tcccgcagtg aagtggacat gttgaaaatt aggtctgaat tcaagagaaa1020
     gtacggcaag tccctgtact attatatcca gcaagacact aagggcgact accagaaagc1080
10
     gctgctgtac ctgtgtggtg gagatgactg aagcccgaca cggcctgagc gtccagaaatl140
     ggtgctcacc atgcttccag ctaacaggtc tagaaaacca gcttgcgaat aacagtcccc1200
     gtggccatcc ctgtgagggt gacgttagca ttacccccaa cctcatttta gttgcctaag1260
     cattgcctgg ccttcctgtc tagtctctcc tgtaagccaa agaaatgaac attccaagga1320
     gttggaagtg aagtctatga tgtgaaacac tttgcctcct gtgtactgtg tcataaacag1380
15
     atgaataaac tgaatttgta ctttagaaac acgtactttg tggccctgct ttcaactgaa1440
     ttgtttgaaa attaaacgtg cttggggttc agctggtgag gctgtccctg taggaagaaa1500
     gctctgggac tgagctgtac agtatggttg cccctatcca agtgtcgcta tttaagttaa1560
     atttaaatga aataaaataa aataaaatca aaaaaa
```

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1033 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 35 (vi) HERKUNFT:

25

30

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123:

```
gtcgcagctg accetcgete cegeceeege etggagteeg aegtggaagt tgetggetga 60
45
     ctgggcttgc gaggaaaccg cctcggagct gcagccgaag gcaaggaatc actgaagatc 120
     ggcgagggag gacagggggt tcatcatggg tggctttttc tcaagtatat tttccagtct 180
     gtttggaact cqggaaatga gaattttaat tttqqqatta qatqqaqcaq qaaaaaccac 240
     aattttgtac agattacaag tgggagaagt tgttactact atacctacca ttggatttaa 300
     tgtagagacg gtgacgtaca aaaaccttaa attccaagtc tgggatttag gaggacagac 360
50
     aagtatcagg ccatactgga gatgttacta ttcaaacaca gatgcagtca tttatgtagt 420
     agacagttgt gaccgagacc gaattggcat ttccaaatca gagttagttg ccatgttgga 480
     ggaagaagag ctgagaaaag ccattttagt ggtqtttqca aataaacagg acatqqaaca 540
     ggccatgact tectcagaga tggcaaatte acttgggtta cetgeettga aggacegaaa 600
     atggcagata ttcaaaacgt cagcaaccaa aggcaccggc cttgatgagg caatggaatg 660
55
     gttagttgaa acattaaaaa gcagacagta attcagtcca ttcttctccc ctgaaatgaa 720
     gactacatca cctctctccc tttggaaaca gtcaagtgta cttcacacta ctagatgtta 780
```

5	aaactatatg attattggca tatactgact gactgcaata tttgtagtaa atagggaaaa 840 taagtatta gttggaggga taatttgatc gaatcacctg aatgttctat gtaatgtaaa 900 atattcttt cttgctttct tgtgttaagg tatatattct atttgtatgg aattcttatt 960 caaatacagt tctattaaag agtatactcc tattggatga aaaaaaccta aaaaaaaaaa
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:
10	(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
15	(iii) HYPOTHETISCH: ja
20	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
20	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 124:
25	ICLLVHFVSR AKTVNLTFSY WWVITENKDL FSCSLLKSHK NNQIGSCLLS CVSWFLTCVH60 TPVCL 65
-	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:
30	(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
2.5	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
35	(iii) HYPOTHETISCH: ja
40	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 125:
45	ISVFRLFKYL THFQTCTMFY KPLDFQQHTI ENTCYSKHNF SVSSIAVVRD NIAISGMLQA60 FKIA 64
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:
50	(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel

	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
5	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
0	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 126:
£	KANLLPATPE GTQIWVGPVF QLGKRMGKPG DGFHKFSSGL WHSFQEIPLG KGLLANMHFQ60 T
15	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:
20	(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
25	(iii) HYPOTHETISCH: ja
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 127:
35	LKNTNEVKAL NWYTLFTPIF QVWKCIFASR PLPRGISWKE CHNPLENLWK PSPGFPIRLP60 SWKTGPTHIW VPSGVAGRRF AF 82
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:
40	(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
45	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
50	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:
_	HTWDPYPLGI SPRTIRPVCQ PKVAFGMLNF PLSKKVHLPN EVTIRLNPKK SLDFVFYKNS60 TFPIKSLVIK ISTLPKCDST AWFLANKNPI 90
5	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:
10	(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
15	(iii) HYPOTHETISCH: ja
20	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129:
25	MVADYGCTIL ILGPFTHRNH TKWPDTYFTE QFKYYTLAKS TYSTHPGEGG EKTHTYKTTS60 LDTMCLPTIS SLNNFHQLRC LV 82
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:
30	(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
35	(iii) HYPOTHETISCH: ja
40	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130:
45	RNLVTQMKSG IEDPWTWQVN ADYSLAFPLY LCKEGYTELI LFQAYNFKFY HLNSSTFAAE60 EWNQKNVVSW 70
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:
50	(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

```
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
     (iii) HYPOTHETISCH: ja
5
      (vi) HERKUNFT:
         (A) ORGANISMUS: MENSCH
10
      (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:
     AIQCEAYFIA TLVDCQGDSA TVLDKLMFPF SLAANRRATY SAGSRARSWG SRGYTSSLII60
    (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:
15
          (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren
          (B) TYP: Protein
          (C) STRANG: einzel
          (D) TOPOLOGIE: linear
20
      (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
      (iii) HYPOTHETISCH: ja
25
       (vi) HERKUNFT:
          (A) ORGANISMUS: MENSCH
30
       (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:
      IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60
      SLVSODYVNG TDOEEIRTGV DOCIOKFLDI ARQTECFFLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120
35
      LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLKP180
                                                                      181
     (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:
          (A) LÄNGE: 423 Aminosäuren
40
          (B) TYP: Protein
          (C) STRANG: einzel
          (D) TOPOLOGIE: linear
       (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
45
       (iii) HYPOTHETISCH: ja
```

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:

LSEDEIRTLK QKKIDETSEQ EQKHKETNNS NAQNPSEEEG EGQDEDILPL TLEEKENKEY 60
LKSLFEILIL MGKQNIPLDG HEADEIPEGL FTPDNFQALL ECRINSGEEV LRKRFETTAV120

NTLFCSKTQQ RQMLEICESC IREETLREVR DSHFFSIITD DVVDIAGEEH LPVLVRFVDE180
SHNLREEFIG FLPYEADAEI LAVKFHTMIT EKWGLNMEYC RGQAYIVSSG FSSKMKVVAS240
RLLEKYPQAI YTLCSSCALN MWLAKSVPVM GVSVALGTIE EVCSFFHRSP QLLLELDNV1300
AVLFQNSKER GKELKEICHS QWTGRHDAFE ILVELLQALV LCLDGINSDT NIRWNNYIAG360
RAFVLCSAVS DFDFIVTIVV LKNVLSFTRA FGKNLQGQTS DVFFAAGSLT AVLHSLNEVS420

GKY

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

(A) LÄNGE: 237 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

25

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

VENIEVYHEF WFEEATNLAT KLDIQMKLPG KFRRAHQGNL ESQLTSESYY KETLSVPTVE 60
HIIQELKDIF SEQHLKALKC LSLVPSVMGQ LKFNTSEEHH ADMYRSDLPN PDTLSAELHC120
WRIKWKHRGK DIELPSTIYE ALHLPDIKFF PNVYALLKVL CILPVMKVEN ERYENGRKRL180
KAYLRNTLTD QRSSNLALLN INFDIKHDLD LMVDTYIKLY TSKSELPTDN SETVENT 237

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- 40 (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

RIRINGSLCP QTKNNLYFHI VELSISGASV GERWYGMGES ILPARGESQG LLCLYFYKE160 LPLFLVNKLR GTDVGLEQGL SGGEGSWTA 89

	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:
5	(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
10	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
15	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:
20	EEERAKREEL ERILEENNRK IAEAQAKLAE EQLRIVEEQR KIHEERMKLE QERQRQQKEE60 QKIILGKGKS RPKLSFSLKT QD 82
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:
25	(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
30	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
35	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
40	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:
	SALKVEYLLS CPVSCRVCSS AAIRASFLFK MICTVSLAIP ASAAQPFIKK QHTRKAELRN60 ADVYGKKEQK M 71
45	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:
	(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren (B) TYP: Protein
	(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
50	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

	(iii) HYPOTHETISCH: ja
5	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:
10	SSAQRKYFNL PVEILVMERC QTVLNGRTSK SEATVPTTRG LLYCSTFSAL YFLAEASPWS60 AMYKLGY
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:
15	(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
20	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
25	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
30	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:
30	RAEKVEQYKS PRVVGTVASL LLVLPFKTVW HLSMTRISTG RLKYFLCAE 49
35	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:
	(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
40	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
45	

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(vi) HERKUNFT:

SCERRGFIMA DDLKRFLYKK LPSVEGLHAI VVSDRDGVPV IKVANDNAPE HALRPGFLST 60 FALATDQGSK LGLSKNKSII CYYNTYQVVQ FNRLPLVVSF IASSSANTGL IVSLEKELAP120 LFEELRQVVE VS

5

132

(2) INFORMATION	ÜBER SE	Q ID NO:	141:
-----------------	---------	----------	------

- (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 15 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

QMILLFLESP SLLPWSVARA KVDKKPGRKA CSGALSFATL ITGTPSLSDT TMAWSPSTLG 60 NFLYKNRFRS SAMMNPLLSQ DQSPRLGFLG CLVLSAVTSG TALKTGSSSS HRHMIHDLVC120 APGSTF 126

- 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:
 - (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
- 30 (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja

35

20

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

45

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

SAVKRGWDLN MAAVVAATAL KGRGARNARV LRGILAGATA NKASHNRTRA LQSHSSPEGK 60 EEPEPLSPEL EYIPRKRGKN PMKAVGLAWA IGFPCGILLF ILTKREVDKD RVKQMKARQN120 MRLSNTGEYE SQRFRASSQS APSPDVGSGV QT 152

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:
 - (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

```
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
      (iii) HYPOTHETISCH: ja
5
      (vi) HERKUNFT:
         (A) ORGANISMUS: MENSCH
10
      (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:
     EGRSAPQVCT PDPTSGDGAL WEEALNLWLS YSPVLDNRMF CRAFICFTRS LSTSRLVRMK 60
     RRIPOGKPMA QASPTAFMGF LPLFLGMYSS SGDRGSGSSL PSGELWLCRA RVLL
    (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:
15
          (A) LÄNGE: 267 Aminosäuren
          (B) TYP: Protein
          (C) STRANG: einzel
20
          (D) TOPOLOGIE: linear
      (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
      (iii) HYPOTHETISCH: ja
25
      (vi) HERKUNFT:
          (A) ORGANISMUS: MENSCH
30
      (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:
     EDEVEEESTA LQKTDKKEIL KKSEKDTNSK VKPKGKVRWT GSRTRGRWKY SSNDESEGSG 60
     SEKSSAASEE EEEKESEEAI LADDDEPCKK CGLPNHPELI LLCDSCDSGY HTACLRPPLM120
35
     IIPDGEWFCP PCQHKLLCEK LEEQLQDLDV ALKKKERAER RKERLVYVGI SIENIIPPQE180
     PDFSEDQEEK KKDSKKSKAN LLERRSTRTR KCISYRFDEF DEAIDEAIED DIKEADGGGV240
     GRGKDISTIT GHRGKDISTI LDEKIIT
    (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:
40
          (A) LÄNGE: 185 Aminosäuren
          (B) TYP: Protein
          (C) STRANG: einzel
          (D) TOPOLOGIE: linear
45
       (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
      (iii) HYPOTHETISCH: ja
50
       (vi) HERKUNFT:
```

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

SSEKSGSCGG MMFSILIPTY TKRSFLRSAR SFFFKATSKS CNCSSNFSQS SLCWQGGQNH 60

SPSGMIIRGG RRQAVWYPLS QESHRRISSG WFGRPHFLHG SSSSARMASS LSFSSSSSEA120
ADDFSLPDPS LSSLLEYFHL PRVREPVHRT LPLGFTLEFV SFSDFFKISF LSVFCKAVDS180
SSTSS

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

10

- (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja

20

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

KRQPTSAMKD PSRSSTSPSI INEDVIINGH SHEDDNPFAE YMWMENEEEF NRQIEEELWE 60 EEFIERCFQE MLEEEEEHEW FIPARDLPQT MDQIQDQFND LVISDGSSLE DLVVKSNLNP120 NAKEFVPGVK YGNI 134

30

35

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:
 - (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- 40 (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

HSDKRAFTIK SSNTAFTVWK LCYIHQKRAP STQIFPYFTP GTNSFAFGFR LLLTTRSSRE 60
50 EPSLITRSLN WSWIWSIVCG RSRAGINHSC SSSSSSISWK QRSINSSSHN SSSICLLNSS120
SFSIHMYSAN GLSSS 135

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

	(A) LÄNGE: 58 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
5	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
15	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:
	LVSGANQCGS CNSKSFLTKA WYYRVGFRFF RGGLFDFDFF FFYVIFGKTH SELYLVST 58
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:
	(A) LÄNGE: 61 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
25	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:
	FFVLKSLLVG ACYWEQVFVQ KLQSESLCIT ETLFITSLLS LPQKTVGLNK IICILIYLKC60 L
40	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:
45	(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
50	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT:

	(A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:
5	SACKFLRDLP LLTVDQLMYT CIIKALNKSL WLITAKMGTR HLLCVLVTAV ALRAVRPCLI60
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:
10	(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
15	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
20	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
2.5	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:
25	KRDIILNVFS QRSHKRKKNQ NQINHHEKNE TPHGNTKLWL GSSYYYSSHI GWRRKP 56
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:
30	(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
35	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
40	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
45	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:
•5	IPVHRLHGRA DPLGWSIVSD LITSGLGAGV LRGLPARRLH SLGRRVLGRP GVWLERLGHG 60 RRDALGAWSA AQRPRTPGRP ACVCAPRRGP ESPSADPVPP PGRAGDPSPP DASASGPRGG120 AATKAGPAHD PGQLRPELRV LPPPPRGDRE 150
•	(0) 10 17 27 10 10 10 10 10 10 10 10 10 10 10 10 10

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren (B) TYP: Protein

- (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

15 LPVAAGGRGQ DAQLRPELSG VVSRPRLGGG APSRSRGRRI GWARVSSPAG RRDRVCGGGL60 GASAGRAHAG GAARGAGPLR G 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(A) LÄNGE: 214 Aminosäuren

(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

35

40

45

10

20

PGSQSVTPPM AEPLQPDPGA AEDAAAQAVE TPGWKAPEDA GPQPGSYEIR HYGPAKWVST 60 SVESMDWDSA IQTGFTKLNS YIQGKNEKEM KIKMTAPVTS YVEPGSGPFS ESTITISLY1120 PSEQQFDPPR PLESDVFIED RAEMTVFVRS FDGFSSAQKN QEQLLTLASI LREDGKVFDE180 KVYYTAGYNS PVKLLNRNNE VWLIQKNEPT KENE

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:

	(A) ORGANISMUS: MENSCH
£	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:
5	PNFYRGFIFN LTMCGGLSCL NLFRAVCSVH QMGRSGMGHL RPFRSGLNRM LEPRLDSDTL60 RF 62
10	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:
15	(A) LÄNGE: 104 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
20	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
25	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:
20	IHLPKKLISF YLRGEVQFSF GSSESKHLIC WVWKTPFLAF YVLSHNNSIK QEGKQKTKKK 60 KGKKKNLHGL VSLTKHVGAV CLGGAGYRTC QCLGFSINLA RDIK 104
30	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:
35	(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
40	(iii) HYPOTHETISCH: ja
45	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:
50	SLLISRKIKQ NTSPARLTCV YIYIKQRATP TSQQLGEISA VHAVVCQFGE ITPWKNWKNL60 LAGKNSFICI KSVLQKNPCG 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

	(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
5	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
15	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:
	PSIDLEAEES QRLLKVVMWF SFKKLLFLES RIYGYNVCSL FVHKIKPFKK LKKKKKRGEK60 KREKGKGKRK RRGEE 75
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:
25	(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
30	(iii) HYPOTHETISCH: ja
35	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:
40	KYLTLPYKLL VPFCIPPSIT LTKGIFYCKE YFILYITSHE FLPLVTIQML PSAIIQIAQP60 FYVHNSLL 68
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:
45	(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
50	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja

PCT/DE99/01087

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

LFFLFRYHTV PLPPKGRVLI HWMTLCQTQM KLMAIPLVFQ IMFGILNGLY HYAVFEETLE60 KTIHEE

10

15

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:
 - (A) LÄNGE: 159 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- 20 (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:
- TRLKGDRGGV HFLKALRRGG LRASLLYLLE KYRLVFLLSI CVRGMVSSVK SFLVGEQLLS 60 ISEPRFKMSV CKCSFLSTTS TFVPISSDSK KVSSYFSLCS ESLAEQNLFM MPEVFCSEQK120 30 FDPELNDLSF FFTRLFSSLV TLRVSPHAPA SEMQTVLSS
 - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:
- (A) LÄNGE: 439 Aminosäuren 35
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF 40
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT: 45
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

50

KSLLFTSSKF PLISFSSPQG LKFRSKSSLA NYLHKNGETS LKPEDFDFTV LSKRGIKSRY 60 EDEGVDDVNF RKVRKPKGKV TILKGIPIKK TKKGCRKSCS GFVQSDSKRE SVCNKADAES180

EPVAQKSQLD RTVCISDAGA CGETLSVTSE ENSLVKKKER SLSSGSNFCS EQKTSGIINK24 FCSAKDSEHN EKYEDTFLES EEIGTKVEVV ERKEHLHTDI LKRGSEMDNN CSPTRKDFTE30 DTIPRTQIER RKTSLYFSSK YNKEALSPPR RKAFKKWTPP RSPFNLVQET LFHDPWKLLI36 ATIFLNRTSG KMAIPVLWKF LEKYPSAEVA RTADWRDVSE LLKPLGLYDL RAKTIVKFSD42 EYLTKQWKYP IELHGIGAP
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:
(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:
DCGKVQTQMQ FALTNFLGLI SLCKTPVLSF LPQDRVQSFL KHALRCPHLR HCFVDTLKGV60 HKAKKSDQML RASNLYLTTW TWHWQKSLQH 90
(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:
(A) LÄNGE: 92 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja
(vi) HERKUNFT:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

SDFCQCHVQV VRYKLLALSI WSDFFALWTP LRVSTKQCLR CGHLRACFRK LCTLSCGRKE60 RTGVLHKEIS PRKLVNANCI CVCTLPQSYI VF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

(A) LÄNGE: 91 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel

	(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
5	(iii) HYPOTHETISCH: ja
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:
15	ADSHQNYIPW PPACVLLARP WLASLTREKD LQKIRLWDHF VCALGMTFFP TPGKPLGLSE60 TLWLANHMVS LKVERLSNPP IPREFQSVDV I 91
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:
20	(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
25	(iii) HYPOTHETISCH: ja
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:
35	NGGLNAHLAS ASEFDHSGVQ LIEREEEICI FYEKINIQEK MKLNGEIEIH LLEEKIQFLK60 MKIAEKQRQI CVTQKLLPAK RSLDADLAVL QIQFS 95
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:
40	(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
45	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
50	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:
5	KTEFGAQLGR HPGTSWLAVI SGSHKFVFAS QQSSFSGIGS FLPVDVFQFL HLVSSSLGYL60 FFHKKCIFLL PALSAERHYG QIQRQRLSGH 90
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:
10	(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
15	(iii) HYPOTHETISCH: ja
20	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:
25	AVRSRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60 SPFHDIPIYA DKVRHPCFWT QSLYSDQLVL HMNFLICLST SA 102
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:
30	(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
35	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
40	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
45	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:
43	VKRLCPKTRM PYLICINWNI MKWRYILSFL IFEEDSVLQG EGRGALLGAE AAHSAGVLPP60 PLPQSHQPAR GAD 73
50	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:
50	(A) LÄNGE: 130 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel

	(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
5	(iii) HYPOTHETISCH: ja
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:
15	RRQRKAEPGA CALGRVGSEC IPEPGARRTA QAAGLRSVSG AANTKVRELK HFRFLGLLRS 60 CRSEMEVDAP GVDGRDGLRE RRGFSEGGRQ NFDVRPQSGA NGLPKHSYWL DLWLFILFDV120 VVFLFVYFLP 130
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:
20	(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
25	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:
	ILKMATNFLN KEDRTLNRRI SHLQGTLPFI LHFVTNLQNS INWVGFHPFL AKFLKLNPLV60 RV 62
40	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:
45	(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
50	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177: AVYCILHQQK VLRLYKRALR HLESWCVQRD KYRYFACLMR ARFEEHKNEK DMAKATQLLK 60 EAEEEFWYRQ HPQPYIFPDS PGGTSYERYD CYKVPEWCLD DWHPSEKAMY PDYFAKREQW120 KKLRRESWER EVKQLQEETP PGGPLTEALP PARKEGDLPP LWWYIVTRPR ERPM (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178: 10 (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear 15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja 20 (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178: 25 PLVPSFPSAV SSTVLSWQSN QDTLPSQKDA SHLSTILGPC SNRISHRRCP QESQGRCMAV 60 DADGTRILPR PPSAAGWPSP YPFHSYVLQT GLSSNKQSIG ICLSGRTTTR GGVAPAYKAA120 TPFADVVCNI R 30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179: (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren (B) TYP: Protein 35 (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF 40 (iii) HYPOTHETISCH: ja (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179: LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLLD SSWSGVIPFF FSCSCLPFLY60 50 PPKWRQIHDL KDTQYLLNSS

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

(iii) HYPOTHETISCH: ja

	(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
5	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
0	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
5	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:
.0	KVLRKLKGPE EASGQMAGAG PTMLLREENG CCSRRQSSSS AGDSDGERED SAAERARQQL 60 EALLNKTMRI RMTDGRTLVG CFLCTDRDCN VILGSAQEFL KPSDSFSAGE PRVLGLAMVP120 GHHIVSIEVQ RESLTGPPYL 140
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:
25	(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
30	(iii) HYPOTHETISCH: ja
35	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:
40	SLKGKRHRGQ RYGGPVRLSL CTSMETMWCP GTMARPSTRG SPAEKESDGL RNSCAEPRMT 60 LQSRSVQRKQ PTSVRPSVMR MRIVLLSSAS SCCRARSAAE SSRSPSESPA LELL 114
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:
45	(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
5	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:
	RLSRLTEPKE DPMAGISTAE HHLDPTAALP TQLSRSRHSP QVISTDGGET RGCGRQERKA60 ERRVCKNAKV TFPIVGGKCQ RHWFCCHRQS EHLEL 95
10	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:
15	(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
20	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
25	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:
30	RRVQHPPFFS QLIRDAAKRT FRITRLQAFS KYLVVYVYLN GSMLPVPSPC PLCQPPVALV 6 LVSFPSSAKR PWNLNGGCFA LGGSCWWDQS FDKPPAPWWH LSWKDVTTPG AQTACGSRTS12 AFGIFLPQWG R
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:
35	(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
40	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
40	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

TAPCCRCPAP VPSVNPLSLW CWFRSRLQQN DLGTSMGAAL LWEVLVGGTR ALTNLLLLGG 60 TSPGRTSQLQ VLRLPVAAEP VPLAFSSHNG EGDFGILTNS SLGLSLLPST ASRFSSICAY120 YLRTVSAP 128

	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:
5	(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
10	(iii) HYPOTHETISCH: ja
15	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:
20	DSRVYCFSGN YRKLVLPRKT GAIRNGSNIS KLRKQDVLSF AHLGFLLFPF SLFSLRSLFQ60 FPSDLPLVPL ESQRL 75
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:
25	(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
30	(iii) HYPOTHETISCH: ja
35	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:
40	LGDSESMPLL ALKCPVRLLG TLEPSEILII LGSSPYFQMF SAQHWVLSST TENPEEKGRC60 FP 62
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:
45	(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
50	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ia

5	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:
10	PHPSRRLTQG RWVRKSRVAM EKIPVSAFLR LVALSYNLAR DSTVKPGAKK DRKESRAKLR60 QTLSRSWGEQ LIWTQTYEEA LYKSRLATN 89
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:
15	(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
20	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
20	(iii) HYPOTHETISCH: ja
25	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:
30	GNPELPWRKF QCQHSCALWR SPTIWPGIAQ SNLEPKRTGR SLEPNCARPS PEVGVNNSSG60 LRRMKKLYIN RD 72
35	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189: (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
40	(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
40	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
45	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
50	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:
	SLGHRPRNGG HSRGCDLGGL HAHSPDPRLQ GAGLQQAKNA AYSVSLPPGC VGHLWPHLRL 60 HHRTGREHRA HTLLPLWDPL FHLLLLPAGS CCQSDQARPG EEAPFPVGDS GSGRGLQPSP120

PCT/DE99/01087

WO 99/53040 262

25
2

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:
 - (A) LÄNGE: 200 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF 10
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 15 (vi) HERKUNFT:

5

20

25

35

40

50

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

RGRDSCPRSP PALRSSPAAL LRAGSSTKFT ANALALGSRM ATTVPDGCRN GLKSKYYRLC 60 DKAEAWGIVL ETVATAGVVT SVAFMLTLPI LVCKVQDSNR RKMLPTQFLF LLGVLGIFGL120 TFAFIIGLDG STGPTRFFLF GILFSICFSC LLAHAVSLTK LVRGRKPLSR LVILGLAVGF180 SLVQDVIAIE YIVLTMNRTK

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein 30
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:
- 45 AEAHGQTQNH QPGKGLPPPD ELGQTDSMSQ QAGEADGKED PKEEEACGPC APVQSDDEGE 60 GEAKDAOHTO EEEKLSROHF SPVGVLHLAD EDRESEHEGH RGHNPGCGHR F
 - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:
 - (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
5	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
0	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:
	EIYWETDYNH SGTIDAHEMR TALRKAGFTL NSQVQQTIAL RYACSKLGIN FDSFVACMIR60 LETLFKLFSL LDEDKDGMVQ LSLAEWLCCV LV 92
15	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:
20	(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
25	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:
35	ESLIAFLFLH DQCAQDSIVL TMIKDVVRIQ WTRNECKGGL EQRRGCPEGK ESYQILLNLQ60 PERLEFHRPQ SAPFHCSRHI K 81
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:
40	(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
45	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
50	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194: KTTIHGPCQN HLPPPHCFLK RPGTLSKGDP IDSSQEGFRA SIRAWPVLAP LLSEQQGFQG60 SGWHESLSLP SCSFMTNVPR TQ 5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195: (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren (B) TYP: Protein 10 (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF 15 (iii) HYPOTHETISCH: ja (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH 20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195: 25 RPPPSSRSSL AGQTNTQHSH SARES 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196: (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren (B) TYP: Protein 30 (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF 35 (iii) HYPOTHETISCH: ja (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196: TMPSLSSSRR LNSLKRVSRR IIQATKLSKL MPSLLHAYRR AMVCCTWLLR VKPAFLRAVL60 45 ISWASMVPEW L (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197: (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren 50 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
5	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
10	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:
	IRRNTSRISV HTWRRTPPYD SPACFSCSIV SLEGSGFFSC VSVFFSFDLS NFSISAISGL60 SDMVAEEKQS EAHEYERQFL ASRRSG 86
15	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198
20	(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
25	(iii) HYPOTHETISCH: ja
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:
35	HPFSTFPTLP PQAGKFDATL LASQCILGGA RLLTIRLLAS PVQSFLWKAV DFSLASLSSS 60 VSTYRISRSQ PYRVCQTWLR RKSKARRTST SDSSSRLAAV A 101
	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:
40	(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
45	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
50	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

TPFPPSQLYP LKQVNSTQHF SHLSAYLAAH ASLRFACLLL LFNRFFGRQW IFLLRLCLLQ 60 FRLIEFLDLS HIGFVRHGCG GKAKRGARVR ATVPRVSPQW 100

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- (A) LÄNGE: 153 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- 15 (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

5

10

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:
- GLTDQYLELN ALQEELGPFG LVILGFPSNQ FGKQEPGENS EILPSLKYVR PGGGFVPNFQ 60
 LFEKGDVNGE KEQKFYTFLK NSCPPTAELL GSPGRLFWEP MKIHDIRWNF EKFLVGPDGI120
 PVMRWYHRTT VSNVKMDILS YMRRQAALSA RGK 153
 - (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:
- 30 (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 40 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

LMPPPYPYL PIMQGPRRGS SGRKPHSQSF YPHPRFSFLL HKRQAWHNCV SEPLWTRDNC 60
PSVCMATQPR ICLLETQGWS ICVYGLAQHP HIFFSFLFQM SPKETQVLGP MVLLKPEHHS120
WGQHLPHAHT THHQPPSSFL KDPPEPPSPS HSAPETSQDN CERDGRVPQV RGGVSMKEGP180
EALVGGPPLS PSVVPALSAF RLRLPGRDTT PAPLEDMLSS HSVHWYLNTP ICPVKVFLQQ240
KKKRKKKKK

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

10

	•
	(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
5	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:
15	AGLSAPPPAP LLCRAQAPLA LGPNFSYRHG VRPGSSPGAH LPEARCGGGP RGRSQAQSPQ 60 SSGPVGGRGR SGSKARTPQL FRLQQQLQRF GHGCEVPRCW LQAAREHPGQ GQEAQSEEEG120 EGQEGEGQEE GGSPLKGPGQ GSLNLPLCLR VPTTWS
20	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:
25	(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
30	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:
40	DPTSLTAMEF DLGAALEPTS QKPGVGAGHG GDPKLSPHKV QGRSEAGAGP GPKQGHHSSS 60 DSSSSSSDSD TDVKSHAAGS KQHESIPGKA KKPKVKKKEK GKKEKGKKKE APH 113
40	(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:
45	(A) LÄNGE: 162 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(vi) HERKUNFT:

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

20

25

30

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

GGPPPPKHLS SRWLVLVGRE EGLMSPVQGP SVGSLLLLAL LLLALLLLH FGLLGLARDA 60 LVLLGASSVG LHIRVRIAGA AAGVGRAVVS LLWTRTCPCL RPALNFVGTE LGISPVARPH120 TGLLGGGLQG CSQVELHGGK RSWVLRPRAP GPCRGAEQGE ER 162

- 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:
 - (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

VEPWTTCRAA GAVMADYWKS QPKKFCDYCK CWIADNRPSV EFHERGKNHK ENVAKRISEI 60 KQKSLDKAKE EEKASKEFAA MEAAALKAYQ EDLKRLGLES EILEPSITPV TSTIPPTSTS120 NQQKEKKEKK KKRSFKGQMG RRHNL

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:
 - (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 45 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

PALSHLPRHO INRKKRKRRR KKDPSKGRWV EGITSEGYHY YYDLISGASQ WEKPEGFQGD 60 LKKTAVKTVW VEGLSEDGFT YYYNTETGES RWEKPDDFIP HTSDLPSSKV NENSLGTLDE120 SKSSDSHSDS DGEQEAEEGG VSTETEKPKI KFKEKNKNSD GGSDPETQKE KSIQKQNSLG180 SNEEKSKTLK KSNPYGEWQE IKQEVESHEE VDLELPSTEN EYVSTSEADG GGEPKVVFKE240

5

25

KTVTSLGVMA DGVAPVFKKR RT

LGVMA DGVAPVFKKR RT

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:
 - (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 15 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

20
GKGRRKGIKG VCCNGGSCPE SIPRGFEKTW LRVRNFGAKH NTSNQHYPTY LDIKSTERKE60
REEEKKILQR ADG . 73

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:
- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

IWNFQALKMS MYQLQKLMVA ENPKWYLKKK QSLLLELWQM EWPQSSKREE LENGKILGKF60 KGNEVMIQ 68

- 45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:
 - (A) LÄNGE: 194 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
- 50 (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

	•		. 270		
(iii) HYPOT	HETISCH: ja	a			
(vi) HERKI (A) OR	JNFT: GANISMUS	: MENSCH	·		
(xi) SEQUI	ENZ-BESCH	IREIBUNG: \$	SEQ ID NO 2	210:	
DNNNGWDSWN	SIWDYGNGFA SVNPNKVDDL	${\tt ATRLFQKKTC}$	IVHKMNKEVM	PSIQSLDALV	VNNEHNVANV 60 KEKKLQGKGP120 SGTCYTTSVL180 194
(2) INFORMA	ATION ÜBEF	R SEQ ID NO	D: 211:		
(A) Ä	NGE: 82 Am	ninosäuren			

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

20

5

10

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

VHQALGRWSS WSLTLKLLFL DQCIKGLNGG HDFLVHFVHN ACLLLKESGC SKAISIIPDG60 IPGVPSVVIV NIGHIVFIVD TH

35

40

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:
 - (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja 45
 - (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

ELGLNHLWLR VWLEPTAQVP DVLFPEFMER EEKAVSLLLW FNVKEPQLPP LPGREAFGFL 60 LLLLALVAGE VLQDHRLALQ LVLAGLRAHA GRLRFRKALT KASARCAPEG WTSESFASF 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

5

(A) LÄNGE: 136 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

IICGCVSGLS PLHRSLMYCF QSSWRGRKRL YLCCSGLMSK SRSSLLCLAE KPLAFFFFSL 60 RLWRVKYSRT TALRCSWSSR ACGLMRGVCA SGRPSRRPRP AVLLKAGHRS HSPLSETMHG120 RSHSSFSDRF RRSLMT 136

25

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

TLETVHQGPV QWAQARHAAT DDSGQALKGR SSRGYYFSDK IQMPLLCGYY RNPSTGNKAH 60 45 FQNYHQRRPP ESYPQAKLRV HCGNRWLYFL HLREQIPASV K 101

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:
 - (A) LÄNGE: 204 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

```
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
```

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

15

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

LRCPAFRSTA GRGLREGLPE AQTPRMSPQA REDQLQRKAV VLEYFTRHKR KEKKKKAKGF 60 SARQRRELRL FDIKPEQQRY SLFLPLHELW KQYIRDLCSG LKPDTQPQMI QAKLLKADLH120 GAIISVTKSK CPSYVGITGI LLQETKHIFK IITKEDRLKV IPKLNCVFTV ETDGFISYIY180 GSKFQLRSSE RSAKKFKAKG TIDL

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 645 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

PTRPVAAGSE QQQQSAFIQE RQPVALMRLL SFNVPHIKNS TGEPIWKVLI YDRFGQDIIS 60
PLLSVKELRD MGITLHLLH SDRDPIPDVP AVYFVMPTEE NIDRMCQDLR NQLYESYYLN120
FISAISRSKL EDIANAALAA SAVTQVAKVF DQYLNFITLE DDMFVLCNQN KELVSYRAIN180
RPDITDTEME TVMDTIVDSL FCFFVTLGAV PIIRCSRGTA AEMVAVKLDK KLRENLRDAR240
NSLFTGDTLG AGQFSFQRPL LVLVDRNIDL ATPLHHTWTY QALVHDVLDF HLNRVNLEES300
SGVENSPAGA RPKRKNKKSY DLTPVDKFWQ KHKGSPFPEV AESVQQELES YRAQEDEVKR360
LKSIMGLEGE DEGAISMLSD NTAKLTSAVS SLPELLEKKR LIDLHTNVAT AVLEHIKARK420
LDVYFEYEEK IMSKTTLDKS LLDIISDPDA GTPEDKMRLF LIYYISTQQA PSEADLEQYK480
KALTDAGCNL NPLQYIKQWK AFTKMASAPA SYGSTTTKPM GLLSRVMNTG SQFVMEGVKN540

45 LVLKQQNLPV TRILDNLMEM KSNPETDDYR YFDPKMLRGN DSSVPRNKNP FQEAIVFVVG600
GGNYIEYQNL VDYIKGKQGK HILYGCSELF NATQFIKQLS QLGQK 645

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

50 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

	(II) MOLEKULTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
5	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
10	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:
	GAGPSQLRLH YPRISMAVRQ WVIALALAAL LVVDREVPVA AGKLPFSRMP ICEHMVESPT 60 CSQMSNLVCG TDGLTYTNEC QLCLARIKTK QDIQIMKDGK C 101
15	2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:
20	(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
25	(iii) HYPOTHETISCH: ja
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:
35	QLGWIFYFMS YPLHAHHCSP ADTSWLEVLL WDQHLPSFMI WMSCLVFIRA KQSWHSFVYV 60 SPSVPQTRLD IWEQVGDSTM CSQMGILEKG SFPAATGTSL STTRRAAKAR AITHWRTAML120 ILG
	2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:
40	(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
45	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
50	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

IKAKFNLNAF FFFFLLRSEI GTVILSTERQ TIKWAMKGGG KVLSIVRGIQ PEIKPIYKHV60 CSSK

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- 10 (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- 15 (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

5

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:
- SFAIPFPWHC TISPIIGQSL GFLGFTMVAT TIRLIDGSNL KKKVMVMDKI SRSREVCYHK60 ITVASTS 67
 - 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:
 - (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

40

30

- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:
- 45 TIISSITDSQ LQEVAEQLEI FAALHEVLHI INDRKNLKGG LQEVAEQLEL ERIGPQHQAG 60 SDSLLTGMAF FKMREMFFED HIDDAKYCGH LYGLGSGSSY VQNGTGNAYE EEANKQS 117
 - 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:
- 50 (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(D) TOPOLOGIE: linear
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:
PTCPIQHFIM MKLWVPSRSL PNSPNHYRSF LSHTLHIRYN NSLFISNTHL SRRKLRVTNP 60 IYTRKRSLNI FYLLIPSCRT RLILWIIYIY RNLKHWSTST VRSHSHSIYR LRPSMRTNII120 LRCHSYYKPP ISHPIYWNNP SRMNLRGLLS RQSHLDPILR FPLHLTIYYR GPSNRSPPLP180 PRNRIKQPNR IKLRCR
2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:
(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:
LPSAIEGPTP VSALLHSSTI VVAGIFLLVR FHPLTTNNNF ILTTILCLGA LTTLFTAICA 6 LTQNDIKKII AFSTSSQLGL IIVTLGINQP HLAFLHICTH AFFKAILFIC SGSIIHSLAD12 EQDIRKIGNI TKIIPFTSSC LVIGSLALTG IPFLTGFYSK DLIIEAINTC NTNA 17
2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:
(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear

	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
5	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:
	FLKTTALIIS VLGFLIALEL NNLTIKLSIN KANPYSSFST LLGFFPSIIH RITPIKSLNL 60 SLKTSLTLLD LIWLEKTIPK STSTLHTNIT TLTTNQKGLI KLYFISFLIN IILIIILYSI120 NLE
10	2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:
15	(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
20	(iii) HYPOTHETISCH: ja
25	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:
30	NMLLAEVRIS MVIRNSVRYL MNRLMFGSEC IYHEENCIID HVTKRATDVN RIEKKSVLKL 60 ILSSIEFMVT QCQVVIIYSI LLWKNINRGK RLIMKENLID VVVYSGKLMC LIRFDIEIRI120 GDSRRMKIK 129
	2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:
35	(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel
40	(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
45	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
50	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:
	FFFFFFFAIQ MNVYFLNPHR VRAELRDAWH SISHPGSLPR SFFFAGSILD LYHFLQRQYP60 EWQSQVYFKV GVFSGSRGDW IPS 83

	2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:
5	(A) LÄNGE: 122 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
0	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
5	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
:O	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:
	SMMLFKVLVI TVFCGLTVAF PLSELVSINK ELQNSIIDLL NSVFDQLGSY RGTKAPLEDY 60 TDDDLSTDSE QIMDFTPAAN KQNSEFSTDV ETVSSGFLEE FTENTDITVK IPLAGNPVSP120 TS
2.5	2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:
30	(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
35	(iii) HYPOTHETISCH: ja
‡ 0	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:
45	TSTTVFFFPF HLSLPVGCTV CSHALCINIL EIYRSVLYFL YCWILIIKTF TRVLNKSSLT60 RK
	2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:
50	(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear

	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
5	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
10	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:
	ARPCMNSTKA LPHGREHTRL KMLSYLKNKM CKSSGWHKTK VNASWGTFLR GLAECVNIID60 FCLCYMTSVT SLKICTIQFQ LWITSVDLCE GFYLCRMGV 99
15	2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:
20	(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
2 5	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
30	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:
35	GELQKSSHYH PPELFEMIFF VHFGCSIGGR IYYNMDHLYF CIYLFITRPQ PQSSFSPSTS60 LCL 63
,,,	2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:
40	(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
45	(iii) HYPOTHETISCH: ja
50	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

INKYRSRDDP YYSIFYHQYC SQNVQKKSFQ ITQEDDNGWT FVIHLKDCGR ANSTHCIVCA60 YGGL 64

- 5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:
 - (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
- 10 (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja

15

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

PLFCAILKTC TFYFSDSLTF LIECVLYHAV MLWYYSYRVL PILKTCHFPK RSFDSALEVL60 HKLKSLSNIN MKGGTGCNIY SQVTSLYI 88

25

30

- 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:
 - (A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- 35 (iii) HYPOTHETISCH. ja
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:
- ASTIMDLLFG RRKTPEELLR QNQRALNRAM RELDRERQKL ETQEKKIIAD IKKMAKQGQM 60

 DAVRIMAKDL VRTRRYVRKF VLMRANIQAV SLKIQTLKSN NSMAQAMKGV TKAMGTMNRQ120

 LKLPQIQKIM MEFERQAEIM DMKEERIELL HLMIPWVLGK F 161
 - 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

50

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

	(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
5	(iii) HYPOTHETISCH: ja
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:
15	RRVRTKSFAM MRTASIWPCL AIFLMSAMIF FSWVSSFCRS RSSSRMARFR ALWFCRSSSS 60 GVFRRPNNRS MMVEAHWQAG AGTDTRFRFR VTLLFLGSPT CPPTKAPRSC RRRRFRGRV120
	2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:
20	(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
25	(iii) HYPOTHETISCH: ja
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:
35	KLPQNPRDHQ MQQFNPLLLH IHDLCLPLKL HHDLLDLGQL QLSVHGAHGL GDTLHGLCHR 60 VVGLECLDLE GHSLDVGPHQ YKLAHIAPGA HQVFCHDANS IHLALLGHLL NVCNDFLLLG120 L
	2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:
40 .	(A) LÄNGE: 180 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
45	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
50	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:
5	KTKRSVKDAA KKGQKDVCIV LAKEMIRSRK AVSKLYASKA HMNSVLMGMK NQLAVLRVAG 60 SLQKSTEVMK AMQSLVKIPE IQATMRELSK EMMKAGIIEE MLEDTFESMD DQEEMEEEAE120 MEIDRILFEI TAGALGKAPS KVTDALPEPE PPGAMAASED EGEEEEALEA MQSRLATLRS180
10	2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:
15	(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
20	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
25	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:
30	LMPFQSQNLQ ERWLPQRMRG RRKRLWRPCS PGWPHSAARG CLPRWVCTHS SQELPFYVSL 60 ALHLCCEDYH FGEGSVCLFS FSAQVLGSQR DCSYKSGINK CIIFRKKKKK K 111
30	2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:
35	(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
40	(iii) HYPOTHETISCH: ja
45	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

KICERCCQEG PEGCLHSSGQ GDDQVKEGCE QAVCIQSTHE LSAHGDEEPA RGLASGWFPA 60 EEHRSDEGHA KSCEDSRDSG HHEGVVQRND EGWDHRGDVR GHF 103

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

	(A) LÄNGE: 351 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
5	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
15	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:
20	TWCTTTMLAA RLVCLRTLPS RVFHPAFTKA SPVVKNSITK NQWLLTPSRE YATKTRIGIR 60 RGRTGQELKE AALEPSMEKI FKIDQMGRWF VAGGAAVGLG ALCYYGLGLS NEIGAIEKAV120 IWPQYVKDRI HSTYMYLAGS IGLTALSAIA ISRTPVLMNF MMRGSWVTIG VTFAAMVGAG180 MLVRSIPYDQ SPGPKHLAWL LHSGVMGAVV APLTILGGPL LIRAAWYTAG IVGGLSTVAM240 CAPSEKFLNM GAPLGVGLGL VFVSSLGSMF LPPTTVAGAT LYSVAMYGGL VLFSMFLLYD300 TQKVIKRAEV SPMYGVQKYD PINSMLSIYM DTLNIFMRVA TMLATGGNRK K 351
25	2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:
30	(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
35	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
40	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:
45	RVAPATVVGG RNIDPNEDTK TRPRPTPRGA PMFRNFSLGA HMATVERPPT MPAVYHAALM 60 RRGPPNIVRG ATTAPITPEC SNQARCFGPG LWSYGIDRTS IPAPTMAAKV TPIVTQEPLI120 MKFMRTGVLL IAMADKAVKP ILPAKYI

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

(A) LÄNGE: 196 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear

50

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

10

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

KARRRGTMAA AADERSPEDG EDEEEEEQLV LVELSGIIDS DFLSKCENKC KVLGIDTERP 60
ILQVDSCVFA GEYEDTLGTC VIFEENVEHA DTEGNNKTVL KYKCHTMKKL SMTRTLLTEK120
KEGEENIGGV EWLQIKDNDF SYRPNMICNF LHENEDEEVV ASAPDKSLEL EEEEIQMNHR180
FKPGFVEPGE PIAPWE

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 30 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

35

PPAPALRHRE TRRPVASLHV GTGALGARSH PPAGSRHLEF WQKQFARRGA DGQEPNKLLR 60 LGAEARTQDG GSGRAWPVTR RRGAAGPWRR RRTSGVQRTE KTRKRRSSWF WWNYQELLIQ120 TSSQNVKINA RFWALTLRGP FCKWTAVSLL GSMKTL 156

40

45

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

- (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:

15

20

25

30

35

40

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

RRLEVSYRQH HFRVSLAPWS KMADEATRRV VSEIPVLKTN AGPRDRELWV QRLKEEYQSL 60 IRYVENNKNA DNDWFRLESN KEGTRWFGKC WYIHDLLKYE FDIEFDIPIT YPTTAPEIAV120 PELDGKTAKM YR 132

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

- (A) LÄNGE: 159 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

LFAISYSVLP VHLCCLSIQL RNCNFWGSSR ICDRNVKLDV KLIFQEVMDI PAFSKPPSSF 60 LVGLQSEPIV VSILVVLHIP DKGLIFLLQS LHPQLTISGS GVSLQHRDLR HNTSRGFIRH120 LGPGRKRNAE VVLPVAYLKA PSSLLWEDET LGCCKTSFE 159

- 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:
 - (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

50 ATLPDALPPA TKFFLKAFFD SLPSPIQSYL YIFAVFPSSS GTAISGAVVG YVIGMSNSMS 60 NSYFRRSWIY QHFPNHRVPS LLDSSRNQSL SAFLLFSTYR IRD 103

15

20

25

30

35

40

45

50 .

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246: (A) LÄNGE: 285 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246 AVRRRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60 SPFHDIPIYA DKDVFHMVVE VPRWSNAKME IATKDPLNPI KQDVKKGKLR YVANLFPYKG120 YIWNYGAIPQ TWEDPGHNDK HTGCCGDNDP IDVCEIGSKV CARGEIIGVK VLGILAMIDE180 GETDWKVIAI NVDDPDAANY NDINDVKRLK PGYLEATVDW FRRYKVPDGK PENEFAFNAE240 FKDKDFAIDI IKSTHDHWKA LVTKKTNGKR IMLIVQLFVG PLKVC 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247: (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247: TKGLRIAQAQ LCPGSPRCRS QSISRRACAL CLRPSTQPNT TYLRKPGGRK RAVGHKSPAE60 TRVPASVQRS QPPRAHRKSC LASLGLCKNN KCLS 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
5	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
10	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:
	DPRPSRIQHI SGNPAGASER LAIRAQLKRE YLLQYNDPNR RGLIENPALL RWAYARTINV 60 YPNFRPTPKN SLMGALCGFG PLIFIYYIIK TERDRKEKLI QEGKLDRTFH LSY 11
15	2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:
20	(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
25	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
30	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:
	VFRSGSEIRI DIYCSCIGPT KQGRIFDEPS AVGIVVLKQV LSFQLGSYGQ PLACARRVSG60 DMLYSAGSRV SGRVRRLDGL YFGNDILANQ GTIAPARF 98
35	2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:
40	(A) LÄNGE: 158 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
45	(iii) HYPOTHETISCH: ja
50	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

TQVMVQSMFA PTDTSDMEAV WKEAKPEDLM DSKLRCVFEL PAENDKPHDV EINKIISTTA 60 SKTETPIVSK SLSSSLDDTE VKKVMEECKR LQGEVQRLRE ENKQFKEEDG LRMRKTVQSN120 SPISALAPTG KEEGLSTRLL ALVVLFFIVG VIIGKIAL 158
2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:
(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:
VNKALPFISK ALGQSVNTRL SLMTSTSDAA TVQFLWASDS VHQSQGADGL DRTEDTESSL 60 GREWATWGLL CGADRTPQHA GLQLPKGQHQ QARKGVILRE VIQHHVPRPT NV 112
2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252.
(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja
(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:
SKGCSITETV TVDPGSIIPL LGLTQYRRGA VVFTLKHTFL SDGFRNLRFV VTTSVKGPLN 60 LRSVGGSRTR ICSSSPWPLR RTPSERQRRA GGGLLAGGGG RWREGRGSEF ASLLFLVRLC120 STTFLCWQIC FQIDF 135

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

(A) LÄNGE: 189 Aminosäuren (B) TYP: Protein

```
(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
```

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:
- 15 SMQSAVSFFF FSLDQKKICL PTISLVVWPT VTIFLCVQRH IGFAFNDLLR LENTIKTNCS 60
 ATGQVVYYQI ITSRCQLHIE SFMKFINKEL FFLCGFNKSS RIVQSLVNVI LIIPLNFICC120
 CYLLKYDLFR LLIPLIQEMP RGIPWGNGAS YSVNFSSFTF ANIMAEFFLS LVRQLLTEFF180
 ILTILSHGI
- 20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:
 - (A) LÄNGE: 300 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja

25

5

10

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

KSIWKQICQH KNVVEQSLTR KRRDANSLPL PSRHRPPPPA SKPPPALRCL SDGVRLRGHG 60
EDEQILVLDP PTDLKFKGPF TDVVTTNLKL RNPSDRKVCF KVKTTAPRRY CVRPNSGIID120
PGSTVTVSVM LQPFDYDPNE KSKHKFMVQT IFAPPNTSDM EAVWKEAKPD ELMDSKLRCV180
FEMPNENDKL NDMEPSKAVP LNASKQDGPM PKPHSVSLND TETRKLMEEC KRLQGEMMKL240
SEENRHLRDE GLRLRKVAHS DKPGSTSTAS FRDNVTSPLP SLLVVIAAIF IGFFLGKFIL300

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

45

- (A) LÄNGE: 247 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja

5	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:
0	GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSGLK HEDKRGGSGS 66 HNWGTVKDEL TESPKYIQKQ ISYNYSDLDQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120 EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSKSE EAHAEDSVMD180 HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGRG GRGGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240 EAFPALA
5	2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:
20	(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
25	(iii) HYPOTHETISCH: ja
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:
35	FVFDSSPVVR SATSTFVLVL QARSITSTMP IKFTFATRIK SISSAHSTST APSTLFQDHH60 DLESRAARA 69
	2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:
40	(A) LÄNGE: 220 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
4.5	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
45	(iii) HYPOTHETISCH: ja
50	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

```
PGRGSMYDRM RRGGDGYDGG YGGFDDYGGY NNYGYGNDGF DDRMRDGRGM GGHGYGGAGD 60
ASSGFHGGHF VHMRGLPFRA TENDIANFFS PLNPIRVHID IGADGRATGE ADVEFVTHED120
AVAAMSKDKN NMQHRYIELF LNSTPGGGSG MGGSGMGGYG RDGMDNQGGY GSVGRMGMGN180
NYSGGYGTPD GLGGYGRGGG GSGGYYGQGG MSGGGWRGMY 220
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1105 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

15

5

10

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
- 25 (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 258:

```
AATGAGCCTG GTGTTAGATG AGTTTTACAG CTCACTCAGG GTGGTGGGTG TCTCTGCTGT
     TCTGGGTACT GGATTAGATG AACTCTTTGT GCAAGTTACC AGTGCTGCCG AAGAATATGA 120
     AAGGGAGTAT CGTCCTGAAT ATGAACGTCT GAAAAAATCA CTGGCCAACG CAGAGAGCCA 180
35
     ACAGCAGAGA GAACAACTGG AACGCCTTCG AAAAGATATG GGTTCTGTAG CCTTGGATGC 240
     AGGGACTCCC AAAGACAGCT TATCTCCTGT GCTGCACCCT TCTGATTTGA TCCTGACTCG 300
     ACCAACATTG GAAGCAGACA GCGATACTGA TGACATTGAC CACAGAGTTA CAGAGGAAAG 360
     CCATGAAGAG CCAGCATTCC AGAATTTTAT GCAAGAATCG ATGGCACAAT ACTGGAAGAG 420
     AAACAATAAA TAGGAGACTT TAGCACACTT CACTTGTTTC TAGAAGTCCA GAATTTTGGA 480
     CCTCCACGTG AAAGAACTGT TCTTACCTCT GAACTGGGGG CTCCCATAAG GGATAATTTT 540
     CCTCAGAGTA GCAAAGTTTC TCTTATTAGA GAAATCTTGT GACTCAGATG AAGTCAGGGA 600
     TAGAAGACCC TTGGACCTGG CAGGTTAATG CTGATTATTC CTTGGCCTTT CCCTTGTATT 660
     TATGCAAGGA AGGATATACT GAGCTGATAC TCTTCCAAGC CTACAACTTC AAGTTTTATC 720
     ATTTGAACTC AAGTACTTTT GCTGCTGAGG AATGGAATCA AAAGAACGTA GTCTCCTGGT 780
     AACCACCTCA GATCTCTATT ATTAGGCTAG ATGTATAGCC TCTACTCCCC CAGCTTCTTG 840
     CTCTTGACCC TGCACTGTAA GTTGCCCTTC TATTAGCAGC CAAGGAAAAG GGAAACATGA 900
     GCTTATCCAG AACGGTGGCA GAGTCTCCTT GGCAATCAAC CAACGTTGCT ATGAAATATG 960
     CCTCACACTG TATAGCTCAT TATAGGACGT CAGGTTTGTT GAAAAAAGTG GGCAAGACAT1020
     GATTAATGAA TCAGAATCCT GTTTCATTGG TGACTTGGAT AAAGACTTTT TAATTTTAAA1080
     ΑΑΑΑΑ ΑΑΑΑΑΑΑΑΑ ΑΑΑΑΑ
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1088 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

15

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 259:

20

	ATTCCAAACA	TGGCGGCTCC	ACTAGGGGGT	ATGTTTTCTG	GGCAGCCACC	CGGTCCCCCT 6	0
	CAGGCCCCGC	CGGGCCTTCC	GGGCCAAGCT	TCGCTTCTTC	AGGCAGCTCC	AGGCGCTCCT 12	20
	AGACCTTCCA	GCAGTACTTT	GGTGGACGAG	TTGGAGTCAT	CTTTCGAGGC	TTGCTTTGCA 18	30
25	TCTCTGGTGA	GTCAGGACTA	TGTCAATGGC	ACCGATCAGG	AAGAAATTCG	AACCGGTGTT 24	0
	GATCAGTGTA	TCCAGAAGTT	TCTGGATATT	GCAAGACAGA	CAGAATGTTT	TTTCTTACAA 30	0
	AAAAGATTGC	AGTTATCTGT	CCAGAAACCA	GAGCAAGTTA	TCAAAGAGGA	TGTGTCAGAA 36	50
	CTAAGGAATG	AATTACAGCG	GAAAGATGCA	CTAGTCCAGA	AGCACTTGAC	AAAGCTGAGG 42	20
	CATTGGCAGC	AGGTGCTGGA	GGACATCAAC	GTGCAGCACA	AAAAGCCCGC	CGACATCCCT 48	30
30	CAGGGCTCCT	TGGCCTACCT	GGAGCAGGCA	TCTGCCAACA	TCCCTGCACC	TCTGAAGCCA 54	10
	ACGTGAGCAA	AGGGCAGAGG	CAGTTGGCCT	ATGAGTGGGC	TGATGCGTGA	GGTTGGCCAC 60	00
	ACATTCCTTC	CTGTGGACTT	GACATTTTGG	AAGAACTCTT	TGCCAGATAA	TGAGTTCATT 66	50
	TTAGTTTTAT	GCTCCCATTG	AAAAATTTTC	CACTATTTT	ATAAGCTGTT	AATTTCTTGA 72	20
	GTACTTTATA	ACATGTCTGT	AGCTTGGATA	AACCAAGTAA	GTATTTTTT	TTTGTCTTTA 78	30
35	GCGAAGTTTA	GACTGTGAAT	ATGATGACAC	AGATTCTTTT	TTATGGTGGC	TTTGCTTGTT 84	40
	TTAAATTTTT	GCATGACTTT	TCATCTTTTT	ATGTGTGTTT	CCTGTAGTTT	GATCCGÁAGG 90	00
	AAAAGAGTAT	AGTAGCCTGA	GAATCAGGAG	ATGGGAGTTT	TAGTCGTAGG	CCTTATGATA 96	60
	ATTACCCCGC	GGTGGTGTGT	AGAAAAGTAT	GTAAATTTGC	TCTGTTTTAA	GACTTTGAAC102	20
	TACCTCAAGA	AGAGGAATCT	AATACAATAT	TTGTAATGTT	AAAAAAAAA	AAAAAAAAAA108	30
40	AAAAAAA					108	88

- 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 3292 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 260:

	ATGCCGAACT	TCTGCGCTGC	CCCCAACTGC	ACGCGGAAGA	GCACGCAGTC	CGACTTGGCC 60
	TTCTTCAGGT	TCCCGCGGGA	CCCTGCCAGA	TGCCAGAAGT	GGGTGGAĠAA	CTGTAGGAGA 120
						ATGTGCCAAA 180
15	CATTTTGAGA	CCTCTATGAT	CTGTAGAACT	AGTCCTTATA	GGACAGTTCT	TCGAGATAAT 240
	GCAATACCAA	CAATATTTGA	TCTTACCAGT	CATTTGAACA	ACCCACATAG	TAGACACAGA 300
	AAACGAATAA	AAGAACTGAG	TGAAGATGAA	ATCAGGACAC	TGAAACAGAA	AAAAATTGAT 360
	GAAACTTCTG	AGCAGGAACA	AAAACATAAA	GAAACCAACA	ATAGCAATGC	TCAGAACCCC 420
	AGCGAAGAAG	AGGGTGAAGG	GCAAGATGAG	GACATTTTAC	CTCTAACCCT	TGAAGAGAAG 480
20	GAAAACAAAG	AATACCTAAA	ATCTCTATTT	GAAATCTTGA	TTCTGATGGG	AAAGCAAAAC 540
						TCCAGATAAC 600
						AAAGCGGTTT 660
	GAGACAACAG	CAGTTAACAC	GTTGTTTTGT	TCAAAAACAC	AGCAGAGGCA	GATGCTAGAG 720
	ATCTGTGAGA	GCTGTATTCG	AGAAGAAACT	CTCAGGGAAG	TGAGAGACTC	ACACTTCTTT 780
25	TCCATTATCA	CTGACGATGT	AGTGGACATA	GCAGGGGAAG	AGCACCTACC	TGTGTTGGTG 840
	AGGTTTGTTG	ATGAATCTCA	TAACCTAAGA	GAGGAATTTA	TAGGCTTCCT	GCCTTATGAA 900
	GCCGATGCAG	AAATTTTGGC	TGTGAAATTT	CACACTATGA	TAACTGAGAA	GTGGGGATTA 960
-	AATATGGAGT	ATTGTCGTGG	CCAGGCTTAC	ATTGTCTCTA	GTGGATTTTC	TTCCAAAATG1020
	AAAGTTGTTG	CTTCTAGACT	TTTAGAGAAA	TATCCCCAAG	CTATCTACAC	ACTCTGCTCT1080
30						ATCTGTTGCA1140
	TTAGGAACAA	TTGAGGAAGT	TTGTTCTTTT	TTCCATCNGA	TCACCACAAC	TGCTTTTAGA1200
	ACTTGACAAC	GTAATTGCTG	TTCTTTTTCA	GAACAGTAAA	GAAAGGGGTA	AAGAACTGAA1260
						TAGTGGAACT1320
25						TTAGNATGGG1380
35						ATTTTGATTT1440
						TTGGGAAAAA1500
	CCTNCCANGG	GGCAAACCTC	GTGATGTCTT	CTTTGCGGCC	GGTAGCTTGA	CTNGCAGTAC1560
						GAATTTTGGT1620
40						CCTGGGAAAT1680 AGTTACTATA1740
40	A A C A A A C C C N	TARCUNNAGG	DIAACIIGGA	ATCTCAGCTA	ACNCTCTGAG	AGATATATTC1800
	TCACAACCCIN	ACCTCAAACC	TCTTA A A TCC	CACATTATTC	AGGAACTTAA	CATGGGACAA1860
	CTCABATTCA	ACCICAAAGC	CACCAACACC	ATCCTCACAT	CTATACAT	GACTTACCCA1920
	ATCCTCACAC	CCTCTCACCT	CACCTTCATT	CTTCCACACAT	CARACCARA	CACAGGGGGA1980
45						ATCAAGTTTT2040
1.5						AAGGTTGAGA2100
	ATGAGCGGTA	TCDDDDTCCN	ACGAAAGCCT	CTTTAAACCA	TATTTCACCC	AACACTTTGA2160
						TATTAAAACA2220
						CAGAGCTTCC2280
50						AGGCTTTCTT2340
-						TCACTAAATA2400
						GTTTAAATGG2460
						GAACGTTGAA2520
						GTTTCAGTTA2580
55						GGTGTTATGA2640
						ACNATTTTAT2700
						GTTTTAAGTA2760
						AGCTTGTGAG2820
						TNAAAGAAAN2880
60						NGTTGCTGTT2940
						GCANGGTATA3000

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1196 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

25

30

10

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 261:

GGTAGAAAAT GCAATAAATT CTGGGACAAT GCCCAGACCT CTGGCATAGA GGAGCCTTCT 60 GAGACAAAGG GTTCTATGCA AAAAAGCAAA TTCAAATATA AGTTGGTTCC TGAAGAAGAA 120 ACCACTGCCT CAGAAAATAC AGAGATAACC TCTGAAAGGC AGAAAGAGGG CATCAAATTA 180 35 ACAATCAGGA TATCAAGTCG GAAAAAGAAG CCCGATTCTC CCCCCAAAGT TCTAGAACCA 240 GAAAACAAGC AAGAGAAGAC AGAAAAGGAA GAGGAGAAAA CAAATGTGGG TCGTACTTTA 300 AGÀAGATCTC CAAGAATATC TAGACCCACT GCAAAAGTGG CTGAGATCAG AGATCAGAAA 360 GCTGATAAAA AAAGAGGGGA AGGAGAAGAT GAGGTGGAAG AAGAGTCAAC AGCTTTGCAA 420 AAAACTGACA AAAAGGAAAT TTTGAAAAAA TCAGAGAAAG ATACAAATTC TAAAGTAAGC 480 40 AAGGTAAAAC CCAAAGGCAA AGTTCGATGG ACTGGTTCTC GGACACGTGG CAGATGGAAA 540 TATTCCAGCA ATGATGAAAG TGAAGGGTCT GGCAGTGAAA AATCATCTGC AGCTTCAGAA 600 GAGGAGGAAG AAAAGGAAAG TGAAGAAGCC ATCCTAGCAG ATGATGATGA ACCATGCAAA 660 AAATGTGGCC TTCCAAACCA TCCTGAGCTA ATTCTTCTGT GTGACTCTTG CGATAGTGGA 720 TACCATACTG CCTGCCTTCG CCCTCCTCTG ATGATCATCC CAGATGGAGA ATGGTTCTGC 780 CCACCTTGCC AACATAAACT GCTCTGTGAA AAATTAGAGG AACAGTTGCA GGATTTGGAT 840 GTTGCCTTAA AGAAGAAAGA GCGTGCCGAA CGAAGAAAAG AACGCTTGGT GTATGTTGGT 900 ATCAGTATTG AAAACATCAT TCCTCCACAA GAGCCAGACT TTTCTGAAGA TCAAGAAGAA 960 AAGAAAAAG ATTCAAAAAA ATCCAAAGCA AACTTGCTTG AAAGGAGGTC AACAAGAACA1020 AGGAAATGTA TAAGCTACAG ATTTGATGAG TTTGATGAAG CAATTGATGA AGCTATTGAA1080 50 GATGACATCA AAGAAGCCGA TGGAGGAGGA GTTGGCCGAG GAAAAGATAT CTCCACCATC1140 ACAGGTCATC GTGGGAAAGA CATCTCTACT ATTTTGGATG AAAAAATAAT AACGGC

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1467 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
- 5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

20

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 262:

AAGGACGCTT GCCTTTTTCC GGTCGGGGAA GGGGGAAGAA GGTAACTTCC GGTGACGGG 60 TTGCATCACT TCCTCTCAAG CTTGGGCGTT TGTTTGGTGG GGTTACACGC GGGTTCAACA 120 TGCGTATCGA AAAGTGTTAT TTCTGTTCGG GGCCCATCTA TCCTGGACAC GGCATGATGT 180 TCGTCCGCAA CGATTGCAAG GTGTTCAGAT TTTGCAAATC TAAATGTCAT AAAAACTTTA 240 25 AAAAGAAGCG CAATCCTCGC AAAGTTAGGT GGACCAAAGC ATTCCGGAAA GCAGCTGGTA 300 AAGAGCTTAC AGTGGATAAT TCATTTGAAT TTGAAAAACG TAGAAATGAA CCTATCAAAT 360 ACCAGCGAGA GCTATGGAAT AAAACTATTG ATGCGATGAA GAGAGTTGAA GAAATCAAAC 420 AGAAGCGCCA AGCTAAATTT ATAATGAACA GATTGAAGAA AAATAAAGAG CTACAGAAAG 480 30 TTCAGGATAT CAAAGAAGTC AAGCAAAACA TCCATCTTAT CCGAGCCCCT CTTGCAGGCA 540 AAGGGAAACA GTTGGAAGAG AAAATGGTAC AGCAGTTACA AGAGGATGTG GACATGGAAG 600 ATGCTCCTTA AAAATCTCTG TAACCATTTC TTTTATGTAC ATTTGAAAAT GCCCTTTGGA 660 TACTTGGAAC TGCTAAATTA TTTTATTTTT TACATAAGGT CACTTAAATG AAAAGCGATT 720 AAAAGACATC TTTCCTGCAT TGCCATCTAC ATAATATCAG ATATTACGGA TGTTAGATTG 780 35 CATCTCAGTG TTAAATCTTT ACTGATAGAT GTACTTAAGT AAATCATGAA AATTCTACTT 840 GTAACTATAG AAGTGAATTG TGGACGTAAA ATGGTTGTGC TATTTGGATA ATGGCACTAG 900 ATTCTTTGCA GTAAAATATT CCCTTTGTTA ATGTTATAGA AGGGGGGATA CAAAAAGGAA1020 CTAACAATTT GTATGGCAGT GTCAGATATT TTTATTTTAG TATTTCCTGT TTTGGTTTAT1080 40 TTGCATCTTA GAAGAGCATA ATGACATTGT TTGATGAAGC CTAATTATGC TGGACTGTTT1140 TGACCTGGTT TAACCCTTCT GATAGGTAGT TGTGGATGCT GGGGATGAGA ACTGAATAAT1200 CTTTGCCTGG AGTGACACTA CACTCTAGAA TTTCCACTTT GGAGAATACT CAGTTCCAAC1260 TTGTGATTCC TGATAGAACA GACTTTACTT TTCTAGCCCA GCATTGATCT AGAAGCAGAG1320 GAATCCCAGC GCCTTTTAAA AGTTGTTATG TGGTTTTCTT TTAAAAAGCT CCTGTTTTTG1380 45 GAAAGTAGAA TTTATGGGTA CAACGTATGT TCATTATTTG TACATAAAAT AAAACCATTT1440 AAAAAGTAAA AAAAAAAAAA AAAAAAC

- 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:
- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÂNGE: 739 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

10

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 263:

15

20

25

30

35

- 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 2146 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 264:

TTTTTTTTT TCCCAGGCCC TCTTTTATT TACAGTGATA CCAAACCATC CACTTGCAAA TTCTTTGGTC TCCCATCAGC TGGAATTAAG TAGGTACTGT GTATCTTTGA 120 GATCATGTAT TTGTCTCCAC CTTGGTGGAT ACAAGAAAGG AAGGCACGAA CAGCTGAAAA 180 AGAAGGGTAT CACACCGCTC CAGCTGGAAT CCAGCAGGAA CCTCTGAGCA TGCCACAGCT 240 GAACACTTAA AAGAGGAAAG AAGGACAGCT GCTCTTCATT TATTTTGAAA GCAAATTCAT 300 TTGAAAGTGC ATAAATGGTC ATCATAAGTC AAACGTATCA ATTAGACCTT CAACCTAGGC 360 TATTTAATAA TACACCACAC TGAAATTATT TGCCAATGAA TCCCAAAGAT TTGGTACAAA 420 TAGTACAATT CGTATTTGCT TTCCTCTTTC CTTTCTTCAG ACAAACACCA AATAAAATGC 480 10 AGGTGAAAGA GATGAACCAC GACTAGAGGC TGACTTAGAA ATTTATGCTG ACTCGATCTA 540 AAAAAAATTA TGTTGGTTAA CGTTAACCTA TCTAAAATCG GGCCCTTTCG GCAAGCCTTT 600 CAAAGGAGGT CAAGTCACAG TCATACAGCT AGAAAAGTCC CTGAAAAAAA GAATTGTTAA 660 GAAGTATAAT AACCTTTTCA AAACCCACAA CGCAGCTTAG TTTTCCTTTA TTTATTTGTG 720 GTCATGAAGA CTATCCCCAT TTCTCCATAA AATCCTCCCT CCATACTGCT GCATTATGGC 780 15 ACAAAAGACT CTAAGTGCCA CCAGACAGAA GGACCAGAGT TTCCGATTAT AAACAATGAT 840 GCTGGGTAAT GTTTAAATGA GAACATTGGA TATGGATGGT CAGATGAAAG CTCGAGCCGA 900 ATTCGGCTCG AGCTTTCATC TGACCATCCA TATCCAATGT TCTCATTTAA ACATTACCCA 960 GCATCATTGT TTATAATCAG AAACTCTGGT CCTTCTGTCT GGTGGCACTT AGAGTCTTTT1020 GTGCCATAAT GCAGCAGTAT GGAGGGAGGA TTTTATGGAG AAATGGGGAT AGTCTTCATG1080 ACCACAAATA AATAAAGGAA AACTAAGCTG CATTGTGGGT TTTGAAAAGG TTATTATACT1140 20 TCTTAACAAT TCTTTTTCA GGGACTTTTC TAGCTGTATG ACTGTTACTT AAACTATCTA1200 AAATAGAGCA TTTTGGTATC TTTCATCTGA CCATCCATAT CCAATGTTCT CATTTAAACA1260 TTACCCAGCA TCATTGTTTA TAATCAGAAA CTCTGGTCCT TCTGTCTGGT GGCACTTAGA1320 GTCTTTTGTG CCATAATGCA GCAGTATGGA GGGAGGATTT TATGGAGAAA TGGGGATAGT1380 25 CTTCATGACC ACAAATAAAT AAAGGAAAAC TAAGCTGCAT TGTGGGTTTT GAAAAGGTTA1440 TTATACTTCT TAACAATTCT TTTTTTCAGG GACTTTTCTA GCTGTATGAC TGTTACTTGA1500 CCTTCTTTGA AAAGCATTCC CAAAATGCTC TATTTTAGAT AGATTAACAT TAACCAACAT1560 AATTTTTTT AGATCGAGTC AGCATAAATT TCTAAGTCAG CCTCTAGTCG TGGTTCATCT1620 CTTTCACCTG CATTTTATTT GGTGTTTGTC TGAAGAAAGG AAAGAGGAAA GCAAATACGA1680 30 ATTGTACTAT TTGTACCAAA TCTTTGGGAT TCATTGGCAA ATAATTTCAG TGTGGTGTAT1740 TATTAAATAG AAAAAAAAA TTTTGTTTCC TAGGTTGAAG GTCTAATTGA TACGTTTGAC1800 TTATGATGAC CATTTATGCA CTTTCAAATG AATTTGCTTT CAAAATAAAT GAAGAGCAGC1860 TGTCCTTCTT TCCTCTTTTA AGTGTTCAGC TGTGGCATGC TCAGAGGTTC CTGCTGGATT1920 CCAGCTGGAG CGGTGTGATA CCCTTCTTT TCAGCTGTTC GTGCCTTCCT TTCTTGTATC1980 35 CACCAAAGTG GAGACAAATA CATGATCTCA AAGATACACA GTACCTACTT AATTCCAGCT2040 GATGGGAGAC CAAAGAATTT GCAAGTGGAT GGTTTGGTAT CACTGTAAAT AAAAAGAGGG2100 CCTGGGAATT CTTGCGATTC CATCTCTAAA AAAAAAAAA AAAAAA

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1020 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

40

55

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 265:

```
5
     CAAGTAAATG CAGCACTAGT GGGTGGGATT GAGGCTATGC CCTGGTGCAT AAATAGAGAC 60
     TCAGCTGTGC TGGCACACTC AGCGGCTCTG GACCGCATCC TAGCCGCCGA CTCACACAAG 120
     GCAGGTGGGT GAGGAAATCC AGAGTTGCCA TGGAGAAAAT TCCAGTGTCA GCATTCTTGC 180
     TCCTTGTGGC CCTCTCCTAC ACTCTGGCCA GAGATACCAC AGTCAAACCT GGAGCCAAAA 240
10
     AGGACACAAA GGACTCTCGA CCCAAACTGC CCCAGACCCT CTCCAGAGGT TGGGGTGACC 300
     AACTCATCTG GACTCAGACA TATGAAGAAG CTCTATATAA ATCCAAGACA AGCAACAAAC 360
     CCTTGATGAT TATTCATCAC TTGGATGAGT GCCCACACAG TCAAGCTTTA AAGAAAGTGT 420
     TTGCTGAAAA TAAAGAAATC CAGAAATTGG CAGAGCAGTT TGTCCTCCTC AATCTGGTTT 480
     ATGAAACAAC TGACAAACAC CTTTCTCCTG ATGGCCAGTA TGTCCCCAGG ATTATGTTTG 540
15
     TTGACCCATC TCTGACAGTT AGAGCCGATA TCACTGGAAG ATATTCAAAC CGTCTCTATG 600
     CTTACGAACC TGCAGATACA GCTCTGTTGC TTGACAACAT GAAGAAAGCT CTCAAGTTGC 660
     TGAAGACTGA ATTGTAAAGA AAAAAAATCT CCAAGCCCTT CTGTCTGTCA GGCCTTGAGA 720
     CTTGAAACCA GAAGAAGTGT GAGAAGACTG GCTAGTGTGG AAGCATAGTG AACACACTGA 780
     TTAGGTTATG GTTTAATGTT ACAACAACTA TTTTTTAAGA AAAACAAGTT TTAGAAATTT 840
20
     GGTTTCAAGT GTACATGTGT GAAAACAATA TTGTATACTA CCATAGTGAG CCATGATTTT 900
     AAAAAAAAA AAAAAAAAA AAAAATTGCC CCCAAGGGGA CGGGTTACAA TTGGGGGGGCG1020
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

25

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1652 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
- 30 (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- 35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 266:

	AATTCGGATC	CATGGGCCAC	AGTGGATGGC	TTGAAATGTG	GCTGAGCGCT	TCGGACAATT	60
50	CGGATCCATG	NNNNGTGGCC	ACCCCAAGAC	GCGCCCCAGC	CCGCCATGGC	CCGGATCCTN	120
	NCCGGGNNTC	CTGCCTTCTG	TCCCTGCTCC	TGGCCGGNGT	TTGTTCCGCC	GGGCCGGGGÄ	180
	CAAGAGAAGT	CTAAGACAGA	CTGCCATGGC	GGTNATGAGT	GGTACCATCT	ACGAGTATGG	240
	AGCCCTCACC	ATCGATGGG	AGGAATACAT	TCCTTTTAAG	CAGTATGCAG	GCAAATATAT	300
	CCTCTTTGTC	AACGTAGCCA	GCTACTGAGG	TCTGACAGAC	CAATACCTTG	AACTGAATGC	360
55	ACTACAAGAA	GAACTTGGGC	CATTTGGCTN	TGGTCATTCT	GGGCTTCCCT	TCCAACCAAT	420
	TTGGCAAACA	GGAGCCAGGC	GAGAACTCGG	AGATACTCCC	CAGTCTCAAG	TATGTTCGNN	480
	ACCAGGTNNG	GGGGCTTTGT	GNCCTAATTN	NNNTCCAGNC	TCNTTTGAGA	AANNGGANGA	540

```
TNGTNGAACN GGGGAGNAAA GAGCNAGAAA TTCTACACTT TCCTGAAGAA CTCCTGCCCT 600
     CCCACTGCAG NAACTCCTGG GNCTCANCCT GGCCGCNCTC TTTTGGGAAC CCATGAAGAT 660
     CCATGACATN CCGCTGGAAC TTTGAGAAGT TCCTGGTNGG GGCCNAGANT GGCATACCGG 720
     TTATGCGCTG GTACCACCGG ACCACAGTCN AGCAACGTCN AAGATGGACA TCCTGNTCNT 780
     TACATGAGGC GGCAGGCANG CCCTGANGCG CCNAGGGGGN AAGTAACTGA NTGCCCNNNC 840
5
     CACCCTACCC CTACCCCTG CCCATCATNG CAAGGGCCGA NGGAGGGGCT CTTNCAGGAA 900
     GGAAGCCACA TTCCCAGTCA TTCTNANCCC CCACCCCAGA TTCTCTTTNC TTNATTACAT 960
     AAAAGACAAG CCNTGGCACA ACTGTGTGTC TGAACCACTG TNGGACACGT GACAATTGTN1020
     CCCAGTGTGT GCATGGCTAC ACAGNCCACG TATCTGCCTG CNTTGAAACC CANGGGNATG1080
10
     GTCCATCNTG TNGTTTACGG NCTTGGCACA ACACCCNNTC ATATTTTTTT CAGCNTTTCT1140
     GTTCCAAANN TGAGNNCCCA AANNGGAAAC ACNAANGTTC TNAGGTCCNA ATNGGTTCTG1200
     CTCAAANCCN TGANACATNC ATTCNTTGGG GNCCANGCAT CNTCCCACAT NGCCCACACN1260
     TACACACCAC CNAGCCTCCT TCTTCCTTNC CTGNAAGGAC CCNTCCNNNN TGAGCCCCCA1320
     AGCCNCATCC CACAGTGCNT CCTGAGACCA GCCAAGACAA CTGTGAGCGC GATGGCCGTG1380
15
     TANCCCCAGG TNCAGGGGNT GGTGTCTCTA TGAAGGANNG GGNNCCCGNA AGCCCTTGTN1440
     GGGNCGGNGC CTCCCCTGAG CCCNGTCTGT GGTGCCNAGC CCTTAGTGCA TTCAGGCTTA1500
     GGCTCCCNAG GCANGGGACA CTACCCCCGC GCCTCTGGAG GACATGCTAT CCTCTCACTC1560
     TGTCCACTGG TATCTCAACA CCCCCATCTG CCCAGTAAAG GTCTTTCTGC AGCAAAAAAA1620
     АААААААА АААААААА АААААААА GG
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1409 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

20

25

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 267:

```
45
     GGAGTGGCCC TCTGTGAGGG GCTCAAATGG TTGCAATTCA TGGCGCGTTA CGACTTGGCT
     CACTTAATCA AATCCCTACC AACTCTAACT TGCCGAAGGA AGAACTTGAC CTCTTGGAGA 120
     ACCCTCGATT GGTTTTTCCT GCCATTTAGA TGTTGAAGTA CCCCATGAAG AGCTGCAAAA 180
     ATTCTCAAAG GTGGATTACA GGAGGTGGCA GAACAGTTAG AGCTGGAACG GATAGGACCA 240
50
     CAACATCAGG CAGGATCTGA TTCATTGCTC ACAGGAATGG CCTTTTTCAA AATGAGAGAA 300
     ATGTTCTTTG AAGATCATAT TGATGATGCC AAATATTGTG GTCATTTGTA TGGCCTTGGT 360
     TCTGGTTCAT CCTATGTACA GAATGGCACA GGGAATGCAT ATGAAGAGGA AGCCAACAAG 420
     CAGTCATGAC ATGAAATAGT CCTTTTATTT TTATTTCGAG CTACACACAT GCTTGTATAT 480
     AGGTTTTATC TCTGGTTGAA TCCCTCGAAC AATAGACAGT ACCTTTCCCC CCCCTTTCAT 540
55
     GGCCCATTTT ATTGTCTGCC TTTCAGTACT AAGTATGACC GTTCCTATCT CAGATCTTAA 600
     GCAAGCGTGT GTGACAGAGA GTGGGGAAAG CTACATCATT GAATATTTTG ATAAACTTTA 720
     CCGACTTGAG TTTGGTTTAT TTTTCCCTTT TCCTAAATTA ACTAGCACTG ACTGTAATTT 780
```

ATTTCCCTGT TTCACGTCTC TCCCTTCCAT TCTGCAGGAG TTTTAGCTAT TTGAGATCGT 840
GGACCATCAG TTTTGCACTT TAGAGAGTGT TTCTGACTCT AAACCTGTTT TATCAGAAAA 900
TTTGTTTTTT CTTGATCTTA GCTGGAAAAA TCTGCCAACT TTACACAGTA TTTACTTGGT 960
TTTGACCCAC AGAATATAGC ACGTTGTGCA AACTGTCGAT TCAGCGAAAC TTAAAAAAGA1020
CAAGAAACTA CTGAGGAGCT TAGTAACTGC TGTTTCTGTA CGTAGTGTTT AATCTTCCAA1080
GCACATCTAG TGTCTGTCAG TTTCTAATTG GCATGTGTAG GCTGCTCTGT GACTGAAGAA1140
TTTTCAAACC AGCTTTACAC CCTTCAGGAA AAATCCCTGT GATTGGATGG TTACTATCTG1200
CCAGGAACTG GTACCCAGAT GTGAAGCACA GTTATTATGA TAGACACTTC CTGAGTGCTA1260
TTGTATCCAC ACCATTACCT TTTTTTTTAA ATTGGAGCCA TCTATGAGCC TGATTGTGGT1320
CGCAACCATT GTAAAACCCA GAAAGCCTAG GGATTGGCCA ATAATTGGGG AAATGGTGCA1380
GTGCCAAGGA AATGGGATGG CAAAAGAAG

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 900 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

10

15

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

30

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 268:

40	AAGTCGGGGA CTCCGGCCTG	TCCCAGAAAG CCAGTGAGCT	AGAAGCGTGA TCTACCATCA	CCCGGAAGCG TGGACCTATT	GAAACGGGTG GTTCGGGCGC	GTTGGTGGC 60 TCCGTCCCAG120 CGGAAGACGC180 GAGCTGGACC240
	GCGAGCGACA	GAAACTAGAG	ACCCAGGAGA	AGAAAATCAT	TGCAGACATT	AAGAAGATGG300
	CCAAGCAAGG	CCAGATGGAT	GCTGTTCGCA	TCATGGCAAA	AGACTTGGTG	CGCACCCGGC360
	GCTATGTGCG	CAAGTTTGTA	TTGATGCGGG	CCAACATCCA	GGCTGTGTCC	CTCAAGATCC420
45	AGACACTCAA	GTCCAACAAC	TCGATGGCAC	AAGCCATGAA	GGGTGTCACC	AAGGCCATGG480
	GCACCATGAA	CAGACAGCTG	AAGTTGCCCC	AGATCCAGAA	GATCATGATG	GAGTTTGAGC540
	GGCAGGCAGA	GATCATGGAT	ATGAAGGAGG	AGATGATGAA	TGATGCCATT	GATGATCCCA600
	TGGGTGATGA	GGAAGATGAA	GAGGAGAGTG	ATGCTGTGGT	GTCCCAGGTT	CTGGATGAGC660
	TGGGACTTAG	CCTAACAGAT	GAGCTGTCGA	ACCTCCCCTC	AACTGGGGGC	TCGCTTAGTG720
50	TGGCTGCTGG	TGGGAAAAAA	GCAGAGGCCG	CAGCCTCAGC	CCTAGCTGAT	GCTGATGCAG780
	ACCTGGAGGA	ACGGCTTAAG	AACCTGCGGA	GGGACTGAGT	GCCCCTGCCA	CTCCGAGATA840
	ACCAGTGGAT	GCCCAGGATC	TTTTACCACA	ACCCCTCTGT	AATAAAAGAG	ATTTGACACT900

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK: (A) LÄNGE: 1145 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

5

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 269:

20

	GGGCCCCGCC	CAGGCGGCTG	CCCGTGACCT	GCCTGGGCGC	GGGGAACTGA	AAGCCGGAAG	60
	GGGCAAGACG	GGTTCAGTTC	GTCATGGGGC	TGTTTGGAAA	GACCCAGGAG	AAGCCGCCCA	120
	AAGAACTGGT	CAATGAGTGG	TCATTGAAGA	TAAGAAAGGA	AATGAGAGTT	GTTGACAGGC	180
25	AAATAAGGGA	TATCCAAAGA	GAAGAAGAAA	AAGTGAAACG	ATCTGTGAAA	GATGCTGCCA	240
	AGAAGGGCCA	GAAGGATGTC	TGCATAGTTC	TGGCCAAGGA	GATGATCAGG	TCAAGGAAGG	300
	CTGTGAGCAA	GCTGTATGCA	TCCAAAGCAC	ACATGAACTC	AGTGCTCATG	GGGATGAAGA	360
	ACCAGCTCGC	GGTCTTGCGA	GTGGCTGGTT	CCCTGCAGAA	GAGCACAGAA	GTGATGAAGG	420
	CCATGCAAAG	TCTTGTGAAG	ATTCCAGAGA	TTCAGGCCAC	CATGAGGGAG	TTGTCĊAAAG	480
30	AAATGATGAA	GGCTGGGATC	ATAGAGGAGA	TGTTAGAGGA	CACTTTTGAA	AGCATGGACG	540
	ATCAGGAAGA	AATGGAGGAA	GAAGCAGAAA	TGGAAATTGA	CAGAATTCTC	TTTGAAATTA	600
	CAGCAGGGGC	CTTGGGCAAA	GCACCCAGTA	AAGTGACTGA	TGCCCTTCCA	GAGCCAGAAC	660
	CTCCAGGAGC	GATGGCTGCC	TCAGAGGATG	AGGGGGAGGA	GGAAGAGGCT	CTGGAGGCCA	720
	TGCAGTCCCG	GCTGGCCACA	CTCCGCAGCT	AGGGGCTGCC	TACCCCGCTG	GGTGTGCACA	780
35	CACTCCTCTC	AAGAGCTGCC	ATTTTATGTG	TCTCTTGCAC	TACACCTCTG	TTGTGAGGAC	840
	TACCATTTTG	GAGAAGGTTC	TGTTTGTCTC	TTTTCATTCT	CTGCCCAGGT	TTTGGGATCG	900
	CAAAGGGATT	GTTCTTATAA	AAGTGGCATA	AATAAATGCA	TCATTTTTAG	GAGTATAGAC	960
	AGATATATCT	TATTGTGGGG	AGGGGAAAGA	AATCCATCTG	CTCATGAAGC	ACTTCTGAAA1	020
	ATATAGGTGA	TTGCCTGAAT	GTCGAAGACT	CTACTTTTGT	CTATAAAACA	CTATATAAAT1	080
40	GAATTTTAAT	AAATTTTTGC	TTTAGCACTT	GGCCCCATTG	TAGATTGCCC	TGTGCAGTAA1	140
	ACTTT					1	145

- 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:
- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1836 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 270:

```
GTTGCGACAT GCAGTGCGCC GGAGGAACTG TGCTCTTTGA GGCCGACGCT AGGGGCCCGG
     AAGGGAAACT GCGAGGCGAA GGTGACCGGG GACCGAGCAT TTCAGATCTG CTCGGTAGAC 120
15
     CTGGTGCACC ACCACCATGT TGGCTGCAAG GCTGGTGTGT CTCCGGACAC TACCTTCTAG 180
     GGTTTTCCAC CCAGCTTTCA CCAAGGCCTC CCCTGTTGTG AAGAATTCCA TCACGAAGAA 240
     TCAATGGCTG TTAACACCTA GCAGGGAATA TGCCACCAAA ACAAGAATTG GGATCCGGCG 300
     TGGGAGAACT GGCCAAGAAC TCAAAGAGGC AGCATTGGAA CCATCGATGG AAAAAATATT 360
     TAAAATTGAT CAGATGGGAA GATGGTTTGT TGCTGGAGGG GCTGCTGTTG GTCTTGGAGC 420
20
     ATTGTGCTAC TATGGCTTGG GACTGTCTAA TGAGATTGGA GCTATTGAAA AGGCTGTAAT 480
     TTGGCCTCAG TATGTCAAGG ATAGAATTCA TTCCACCTAT ATGTACTTAG CAGGGAGTAT 540
     TGGTTTAACA GCTTTGTCTG CCATAGCAAT CAGCAGAACG CCTGTTCTCA TGAACTTCAT 600
     GATGAGAGGC TCTTGGGTGA CAATTGGTGT GACCTTTGCA GCCATGGTTG GAGCTGGAAT 660
     GCTGGTACGA TCAATACCAT ATGACCAGAG CCCAGGCCCA AAGCATCTTG CTTGGTTGCT 720
25
     ACATTCTGGT GTGATGGGTG CAGTGGTGGC TCCTCTGACA ATATTAGGGG GTCCTCTTCT 780
     CATCAGAGCT GCATGGTACA CAGCTGGCAT TGTGGGAGGC CTCTCCACTG TGGCCATGTG 840
     TGCGCCCAGT GAAAAGTTTC TGAACATGGG TGCACCCCTG GGAGTGGGCC TGGGTCTCGT 900
     CTTTGTGTCC TCATTGGGAT CTATGTTTCT TCCACCTACC ACCGTGGCTG GTGCCACTCT 960
     TTACTCAGTG GCAATGTACG GTGGATTAGT TCTTTTCAGC ATGTTCCTTC TGTATGATAC1020
30
     CCAGAAAGTA ATCAAGCGTG CAGAAGTATC ACCAATGTAT GGAGTTCAAA AATATGATCC1080
     CATTAACTCG ATGCTGAGTA TCTACATGGA TACATTAAAT ATATTTATGC GAGTTGCAAC1140
     TATGCTGGCA ACTGGAGGCA ACAGAAAGAA ATGAAGTGAC TCAGCTTCTG GCTTCTCTGC1200
     TACATCAAAT ATCTTGTTTA ATGGGGCAGA TATGCATTAA ATAGTTTGTA CAAGCAGCTT1260
     TCGTTGAAGT TTAGAAGATA AGAAACATGT CATCATATTT AAATGTTCCG GTAATGTGAT1320
35
     GCCTCAGGTC TGCCTTTTTT TCTGGAGAAT AAATGCAGTA ATCCTCTCCC AAATAAGCAC1380
     ACACATTTTC AATTCTCATG TTTGAGTGAT TTTAAAATGT TTTGGTGAAT GTGAAAACTA1440
     AAGTTTGTGT CATGAGAATG TAAGTCTTTT TTCTACTTTA AAATTTAGTA GGTTCACTGA1500
     GTAACTAAAA TTTAGCAAAC CTGTGTTTGC ATATTTTTTT GGAGTGCAGA ATATTGTAAT1560
     TAATGTCATA AGTGATTTGG AGCTTTGGTA AAGGGACCAG AGAGAAGGAG TCACCTGCAG1620
     TCTTTTGTTT TTTTAAATAC TTAGAACTTA GCACTTGTGT TATTGATTAG TGAGGAGCCA1680
     GTAAGAAACA TCTGGGTATT TGGAAACAAG TGGTCATTGG TTACATTCAT CTGCTGAACT1740
     TAACAAAACT GGTTCCATCC TGGAACAGGG CACAGGTGAA TGCATTCCTC CTGCGGTTGG1800
     CTCCCCAGTG GCCCGCCTTC CCATATAGGA TGTGGG
```

- 45 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1220 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel

50

- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

45

```
(iii) ANTI-SENSE: NEIN
```

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 271:

```
TGAAGTTCTA AGAGCTTTCC AAGTTTGGGA AGGTGTCCGG GTTTTCTGCG ATTACTTCTC
     TGAGCATGAA CGGAAGTCAC CCTTTGTGCC TTATGCGGTG ATTTTAATGA TAGGTGTCAT 120
     ATATAGGACG GAGTAATCTG TTTACATTCT GTTCTTCTCG ATGCACTCAC AAGCGGGTAA 180
15
     CTAGGTGACA AGAAAACAAA GATCTTATTC AAAAGAGGTC TTACAGCAAC CCAACGTCTC 240
     ATCTTCCCAT AGTAAAGATG ACGGCGCCTT GAGGTAAGCT ACAGGCAACA CCACTTCCGC 300
     GTTTCTCTTG CGCCCTGGTC CAAGATGGCG GATGAAGCCA CGCGACGTGT TGTGTCTGAG 360
     ATCCCGGTGC TGAAGACTAA CGCCGGACCC CGAGATCGTG AGTTGTGGGT GCAGCGACTG 420
20
     AAGGAGGAAT ATCAGTCCCT TATCCGGTAT GTGGAGAACA ACAAGAATGC TGACAACGAT 480
     TGGTTCCGAC TGGAGTCCAA CAAGGAAGGA ACTCGGTGGT TTGGAAAATG CTGGTATATC 540
     CATGACCTCC TGAAATATGA GTTTGACATC GAGTTTGACA TTCCTATCAC ATATCCTACT 600
     ACTGCCCCAG AAATTGCAGT TCCTGAGCTG GATGGAAAGA CAGCAAAGAT GTACAGGGGT 660
     GGCAAAATAT GCCTGACGGA TCATTTCAAA CCTTTGTGGG CCAGGAATGT GCCCAAATTT 720
25
     GGACTAGCTC ATCTCATGGC TCTGGGGCTG GGTCCATGGC TGGCAGTGGA AATCCCTGAT 780
     CTGATTCAGA AGGGCGTCAT CCAACAAA GAGAAATGCA ACCAATGAAG AATCAAGCCA 840
     CTGAGGCAGG GCAGAGGGAC CTTTGATAGG CTACGATACT ATTTTCCTGT GCATCACACT 900
     TAACTCATCT AACTGCTTCC CCGGACACCC TCCACCTCTA GTTGTTACTA AGTAGCTGCA 960
     GTAGGCATTG CTGGGGAAGA AACAAACACA CACCAAACAG TACTGCTACT TAGTTTCTAA1020
     GGCTGCACAG GGAAGGGAAA GACTGGGCTT TGGACAATCT AGAGGTAATT TATATCCGCC1080
     CCCAGGTGGA GCAACATGCG ATTCTGGAGG CACGGGGGTA ACTGAAAGTG AGTACATATA1140
     GTCTTTCTGG TTTCTGGAGA TAACCCATCA ATAAAAGCTG CTTCCTCTGG TAAAAAAAAA1200
     ΑΑΑΑΑΑΑΑ ΑΑΑΑΑΑΑΑΑ
                                                                       1220
```

- 35 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:
 - (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÂNGE: 1303 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 - (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 50 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
 - (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- 55 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 272:

```
CGCAGTGCGC AGGCGTGGGG CTCTCTCTT GTCAGTCGGC GCCGCGTGCG GGCTGGTGGC 60
     TCTGTGGCAG CGGCGGCGC AGGACTCCGG CACTATGAGC GGCTTCAGCA CCGAGGAGCG 120
     CGCCGCGCCC TTCTCCCTGG AGTACCGAGT CTTCCTCAAA AATGAGAAAG GACAATATAT 180
     ATCTCCATTT CATGATATTC CAATTTATGC AGATAAGGAT GTGTTTCACA TGGTAGTTGA 240
     AGTACCACGC TGGTCTAATG CAAAAATGGA GATTGCTACA AAGGACCCTT TAAACCCTAT 300
     TAAACAAGAT GTGAAAAAAG GAAAACTTCG CTATGTTGCG AATTTGTTCC CGTATAAAGG 360
10
     ATATATCTGG AACTATGGTG CCATCCCTCA GACTTGGGAA GACCCAGGGC ACAATGATAA 420
     ACATACTGGC TGTTGTGGTG ACAATGACCC AATTGATGTG TGTGAAATTG GAAGCAAGGT 480
     ATGTGCAAGA GGTGAAATAA TTGGCGTGAA AGTTCTAGGC ATATTGGCTA TGATTGACGA 540
     AGGGGAAACC GACTGGAAAG TCATTGCCAT TAATGTGGAT GATCCTGATG CAGCCAATTA 600
     TAATGATATC AATGATGTCA AACGGCTGAA ACCTGGCTAC TTAGAAGCTA CTGTGGACTG 660
15
     GTTTAGAAGG TATAAGGTTC CTGATGGAAA ACCAGAAAAT GAGTTTGCGT TTAATGCAGA 720
     ATTTAAAGAT AAGGACTTTG CCATTGATAT TATTAAAAGC ACTCATGACC ATTGGAAAGC 780
     ATTAGTGACT AAGAAAACGA ATGGAAAAGG AATCAGTTGC ATGAATACAA CTTTGTCTGA 840
     GAGCCCCTTC AAGTGTGATC CTGATGCTGC CAGAGCCATT GTGGATGCTT TACCACCACC 900
     CTGTGAATCT GCCTGCACAG TACCAACAGA CGTGGATAAG TGGTTCCATC ACCAGAAAAA 960
20
     CTAATGAGAT TTCTCTGGAA TACAAGCTGA TATTGCTACA TCGTGTTCAT CTGGATGTAT1020
     TAGAAGTAAA AGTAGTAGCT TTTCAAAGCT TTAAATTTGT AGAACTCATC TAACTAAAGT1080
     AAATTCTGCT GTGACTAATC CAATATACTC AGAATGTTAT CCATCTAAAG CATTTTTCAT1140
     ATCTCAACTA AGATAACTTT TAGCACATGC TTAAATATCA AAGCAGTTGT CATTTGGAAG1200
     TCACTTGTGA ATAGATGTGC AAGGGGAGCA CATATTGGAT GTATATGTTA CCATATGTTA1260
25
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1586 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
 - (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

30

45

50

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 - (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 273:

CGGCTCGAGC GGCTCGAGAT TCGAGGTCGT GGTGGTCTTG GAAGAGCGTC GAGGGGGCCG 60
TGGACGTGGA ATGGGCCGAG GAGATGGATT TGATTCTCGT GGCAAACGTG AATTTGATAG 120
GCATAGTGGA AGTGATAGAT CTGGCCTGAA GCACGAGGAC AAACGTGGAG GTAGCGGATC 180
TCACAACTGG GGAACTGTCA AAGACGAATT AACAGAGTCC CCCAAATACA TTCAGAAACA 240
AATATCTTAT AATTACAGTG ACTTGGATCA ATCAAATGTG ACTGAGGAAA CACCTGAAGG 300
TGAAGAACAT CATCCAGTGG CAGACACTGA AAATAAGGAG AATGAAGTTG AAGAGGTAAA 360

AGAGGAGGGT CCAAAAGAGA TGACTTTGGA TGAGTGGAAG GCTATTCAAA ATAAGGACCG 420 GGCAAAAGTA GAATTTAATA TCCGAAAACC AAATGAAGGT GCTGATGGGC AGTGGAAGAA 480 GGGATTTGTT CTTCATAAAT CAAAGAGTGA AGAGGCTCAT GCTGAAGATT CGGTTATGGA 540 CCATCATTTC CGGAAGCCAG CAAATGATAT AACGTCTCAG CTGGAGATCA ATTTTGGAGA 600 CCTTGGCCGC CCAGGACGTG GCGGCAGGGG AGGACGAGGT GGACGTGGGC GTGGTGGGCG 660 CCCAAACCGT GGCAGCAGGA CCGACAAGTC AAGTGCTTCT GCTCCTGATG TGGATGACCC 720 AGAGGCATTC CCAGCTCTGG CTTAACTGGA TGCCATAAGA CAACCCTGGT TCCTTTGTGA 780 ACCCTTCTGT TCAAAGCTTT TGCATGCTTA AGGATTCCAA ACGACTAAGA AATTAAAAAA 840 AAAAAGACTG TCATTCATAC CATTCACACC TAAAGACTGA ATTTTATCTG TTTTAAAAAT 900 10 GAACTTCTCC CGCTACACAG AAGTAACAAA TATGGTAGTC AGTTTTGTAT TTAGAAATGT 960 ATTGGTAGCA GGGATGTTTT CATAATTTTC AGAGATTATG CATTCTTCAT GAATACTTTT1020 GTATTGCTGC TTGCAAATAT GCATTTCCAA ACTTGAAATA TAGGTGTGAA CAGTGTGTAC1080 CAGTTTAAAG CTTTCACTTC ATTTGTGTTT TTTAATTAAG GATTTAGAAG TTCCCCCAAT1140 TACAAACTGG TTTTAAATAT TGGACATACT GGTTTTAATA CCTGCTTTGC ATATTCACAC1200 15 ATGGTCAACT GGGACATGTT AAACTTTGAT TTGTCAAATT TTATGCTGTG TGGAATACTA1260 ACTATATGTA TTTTAACTTA GTTTTAATAT TTTCATTTTT GGGGAAAAAT CTTTTTTCAC1320 TTCTCATGAT AGCTGTTATA TATATATGCT AAATCTTTAT ATACAGAAAT ATCAGTACTT1380 GAACAAATTC AAAGCACATT TGGTTTATTA ACCCGTGGCT GCCCTGGCAT GGGGCCCATT1440 TGGGGTCCAA ATTATAACTG ATTTACATTT TCAGCGATAT TACTTTTAAA TGCCTGAGTT1500 CCCATTTAAA ATCTAACTAG ACACCTAATG GGGAAGTGGT TAACCACTAT GTGGTAGCCA1560 20 **CGGGCCAG** 1568

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

40

25

30

KQVKCAKVSY LLFLFQYCAI DSCIKFWNAG SSWLSSVTLW SMSSVSLSAS NVGRVRIKSE 60 GCSTGDKLSL GVPASKATEP ISFRRRSSCS LCCWLSALAS DFFRRSYSGR YSLSYSSAAL120 VTCTKSSSNP VPRTAETPTT LSEL 144

45

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

(A) LÄNGE: 143 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

```
(vi) HERKUNFT:
         (A) ORGANISMUS: MENSCH
5
      (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:
    Name: 275
                                   143 Check:
     MSLVLDEFYS SLRVVGVSAV LGTGLDELFV QVTSAAEEYE REYRPEYERL KKSLANAESQ 60
10
     QQREQLERLR KDMGSVALDA GTPKDSLSPV LHPSDLILTR PTLEADSDTD DIDHRVTEES120
     HEEPAFONFM QESMAQYWKR NNK
    2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:
          (A) LÄNGE: 181 Aminosäuren
15
          (B) TYP: Protein
          (C) STRANG: einzel
         (D) TOPOLOGIE: linear
      (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
20
      (iii) HYPOTHETISCH: ja
25
      (vi) HERKUNFT:
          (A) ORGANISMUS: MENSCH
      (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:
30
     IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60
     SLVSQDYVNG TDQEEIRTGV DQCIQKFLDI ARQTECFFLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120
     LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLKP180
35
    2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:
          (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
          (B) TYP: Protein
40
          (C) STRANG: einzel
          (D) TOPOLOGIE: linear
      (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
45
      (iii) HYPOTHETISCH: ja
       (vi) HERKUNFT:
50
          (A) ORGANISMUS: MENSCH
```

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

NELIIWQRVL PKCQVHRKEC VANLTHQPTH RPTASALCSR WLQRCRDVGR CLLQVGQGAL60 RDVGGLFVLH VDVLQHLLPM PQLCQVLLD 89

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

(A) LÄNGE: 401 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

30

35

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

MPNFCAAPNC TRKSTQSDLA FFRFPRDPAR CQKWVENCRR ADLEDKTPDQ LNKHYRLCAK 60
HFETSMICRT SPYRTVLRDN AIPTIFDLTS HLNNPHSRHR KRIKELSEDE IRTLKQKKID120
25 ETSEQEQKHK ETNNSNAQNP SEEEGEGQDE DILPLTLEEK ENKEYLKSLF EILILMGKQN180
IPLDGHEADE IPEGLFTPDN FQALLECRIN SGEEVLRKRF ETTAVNTLFC SKTQQRQMLE240
ICESCIREET LREVRDSHFF SIITDDVVDI AGEEHLPVLV RFVDESHNLR EEFIGFLPYE300
ADAEILAVKF HTMITEKWGL NMEYCRGQAY IVSSGFSSKM KVVASRLLEK YPQAIYTLCS360
SCALNMWLAK SVPVMGVSVA LGTIEEVCSF FHXITTTAFR T

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

50 MLISGTLSHG TTQIQYXXEE HHADMYRSDL PNPDTLSAEL HCWRIKWKHR GKDIELPSTI 60 YEALHLPDIK FFPNVYALLK VLCILPVMKV ENERYENGTK ASLKHI 106

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

```
(A) LÄNGE: 398 Aminosäuren
```

(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

GRKCNKFWDN AQTSGIEEPS ETKGSMQKSK FKYKLVPEEE TTASENTEIT SERQKEGIKL 60
TIRISSRKKK PDSPPKVLEP ENKQEKTEKE EEKTNVGRTL RRSPRISRPT AKVAEIRDQK120
ADKKRGEGED EVEEESTALQ KTDKKEILKK SEKDTNSKVS KVKPKGKVRW TGSRTRGRWK180
YSSNDESEGS GSEKSSAASE EEEEKESEEA ILADDDEPCK KCGLPNHPEL ILLCDSCDSG240
YHTACLRPPL MIIPDGEWFC PPCQHKLLCE KLEEQLQDLD VALKKKERAE RRKERLVYVG300
ISIENIIPPQ EPDFSEDQEE KKKDSKKSKA NLLERRSTRT RKCISYRFDE FDEAIDEAIE360
DDIKEADGGG VGRGKDISTI TGHRGKDIST ILDEKIIT 398

25

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- 35 (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

45 SSEKSGSCGG MMFSILIPTY TKRSFLRSAR SFFFKATSKS CNCSSNFSQS SLCWQGGQNH 60 SPSGMIRGG RRQAVWYPLS QESHRRISSG WFGRPHFLHG SSSSARMASS LSFSSSSEA120 ADDFSLPDPS LSSLLEYFHL PRVREPVHRT LPLGFTLLTL EFVSFSDFFK ISFLSVFCKA180 VDSSSTSSSP SPLFLSAF

50 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

(A) LÄNGE: 202 Aminosäuren

(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel

(iii) HYPOTHETISCH: ja

	(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
5	(iii) HYPOTHETISCH: ja
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:
15	GRLPFSGRGR GKKVTSGDGV ASLPLKLGRL FGGVTRGFNM RIEKCYFCSG PIYPGHGMMF 60 VRNDCKVFRF CKSKCHKNFK KKRNPRKVRW TKAFRKAAGK ELTVDNSFEF EKRRNEPIKY120 QRELWNKTID AMKRVEEIKQ KRQAKFIMNR LKKNKELQKV QDIKEVKQNI HLIRAPLAGK180 GKQLEEKMVQ QLQEDVDMED AP
20	2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:
25	(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
30	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:
40	IIHCKLFTSC FPECFGPPNF ARIALLFKVF MTFRFAKSEH LAIVADEHHA VSRIDGPRTE60 ITLFDTHVEP ACNPTKQTPK LERK 84
	2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:
45	(A) LÄNGE: 206 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORE

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

RLEPRSVTRS RRAVSRLSAR PGKVSAVMAF LASGPYLTHQ QKVLRLYKRA LRHLESWCVQ 60 RDKYRYFACL MRARFEEHKN EKDMAKATQL LKEAEEEFWY RQHPQPYIFP DSPGGTSYER120 YDCYKVPEWC LDDWHPSEKA MYPDYFAKRE QWKKLRRESW EREVKQLQEE TPPGGPLTEA180 LPPARKEGDL PPLWWYIVTR PRERPM 206

- 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:
 - (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 25 (vi) HERKUNFT:

15

30

35

40

50

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

·

PLVPSFPSAV SSTVLSWQSN QDTLPSQKDA SHLSTILGPC SNRISHRRCP QESQGRCMAV 60 DADGTRILPR PPSAAGWPSP YPFHSYVLQT GLSSNKQSIG ICLSGRTTTR GGVAPAYKAA120 TPFADGSGRV PTPRTPLRR 139

- 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:
 - (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- 45 (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLLD SSWSGVIPFF FSCSCLPFLY60 PPRWRQIHDL KDTQYLLNSS 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287: 5 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja 15 (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH 20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287: LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLLD SSWSGVIPFF FSCSCLPFLY60 PPKWRQIHDL KDTQYLLNSS 25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288: (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren (B) TYP: Protein 30 (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja 35 '(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288: 45 RLSCAGTLSG SGPHPSRRLT QGRWVRKSRV AMEKIPVSAF LLLVALSYTL ARDTTVKPGA 60 KKDTKDSRPK LPQTLSRGWG DQLIWTQTYE EALYKSKTSN KPLMIIHHLD ECPHSQALKK120 VFAENKEIQK LAEQFVLLNL VYETTDKHLS PDGQYVPRIM FVDPSLTVRA DITGRYSNRL180 YAYEPADTAL LLDNMKKALK LLKTEL

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel

	(D) TOPOLOGIE. Ilileai
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
5	(iii) HYPOTHETISCH: ja
10	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:
15	GNPELPWRKF QCQHSCSLWP SPTLWPEIPQ SNLEPKRTQR TLDPNCPRPS PEVGVTNSSG60 LRHMKKLYIN PRQATNP 77
	2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:
20	(A) LÄNGE: 160 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
25	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
	(iii) HYPOTHETISCH: ja
30	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
35	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:
	GGXGXQLLXP XAXQGXPAAS CXXQDVHLXR CXTVVRWYQR ITGMPXXAPT RNFSKFQRXV 60 MDLHGFPKEX GQXEXQEXLQ WEGRSSSGKC RISXSXLPXS TIXXFLKXXW XXIRXQSPXT120 WXRTYLRLGS ISEFSPGSCL PNWLEGKPRM TXAKWPKFFL 160
40	2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:
45	(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
50	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT:

10

15

25

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

RHXPLXLGXH GHRAHSCLGW SQXALWDXAW GLXXXGSXQX RKKEAXWCVX VGXVGXCXXP 60 XEXMXXGFEQ NXXGPXNXXV SXLGXXXWNR XAEKNMXGCC AKXVNXXMDH XXGFQXRQIR120 GLCSHAHTGX NCHVSXSGSD TQLCXGLSFM 150

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- 20 (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

- 30 RAAKILKGGL QEVAEQLELE RIGPQHQAGS DSLLTGMAFF KMREMFFEDH IDDAKYCGHL60 YGLGSGSSYV QNGTGNAYEE EANKQS 86
 - 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:
- 35 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 45 (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

IKAKFNLNAF FFFFLLRSEI GTVILSTERQ TIKWAMKGGG KVLSIVRGIQ PEIKPIYKHV60 CSSK

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

(A) LÄNGE: 226 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

ASTIMDLLFG RRKTPEELLR QNQRALNRAM RELDRERQKL ETQEKKIIAD IKKMAKQGQM 60
DAVRIMAKDL VRTRRYVRKF VLMRANIQAV SLKIQTLKSN NSMAQAMKGV TKAMGTMNRQ120
LKLPQIQKIM MEFERQAEIM DMKEEMMNDA IDDPMGDEED EEESDAVVSQ VLDELGLSLT180
DELSNLPSTG GSLSVAAGGK KAEAAASALA DADADLEERL KNLRRD 226

- 25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:
 - (A) LÄNGE: 166 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
- 30 (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

KILGIHWLSR SGRGTQSLRR FLSRSSRSAS ASARAEAAAS AFFPPAATLS EPPVEGRFDS 60
45 SSVRLSPSSS RTWDTTASLS SSSSSSPMGS SMASFIISSF ISMISACRSN SIMIFWIWGN120
FSCLFMVPMA LVTPFMACAI ELLDLSVWIL RDTAWMLARI NTNLRT 166

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:

(A) LÄNGE: 233 Aminosäuren

(B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

35

40

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

KPEGARRVQF VMGLFGKTQE KPPKELVNEW SLKIRKEMRV VDRQIRDIQR EEEKVKRSVK 60
DAAKKGQKDV CIVLAKEMIR SRKAVSKLYA SKAHMNSVLM GMKNQLAVLR VAGSLQKSTE120
VMKAMQSLVK IPEIQATMRE LSKEMMKAGI IEEMLEDTFE SMDDQEEMEE EAEMEIDRIL180
FEITAGALGK APSKVTDALP EPEPPGAMAA SEDEGEEEEA LEAMQSRLAT LRS 233

- 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:
- (A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

LMPFQSQNLQ ERWLPQRMRG RRKRLWRPCS PGWPHSAARG CLPRWVCTHS SQELPFYVSL 60 ALHLCCEDYH FGEGSVCLFS FSAQVLGSQR DCSYKSGINK CIIFRSIDRY ILLWGGERNP120 SAHEALLKI 129

- 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:
 - (A) LÄNGE: 351 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- 50 (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

TWCTTTMLAA RLVCLRTLPS RVFHPAFTKA SPVVKNSITK NQWLLTPSRE YATKTRIGIR 60
RGRTGQELKE AALEPSMEKI FKIDQMGRWF VAGGAAVGLG ALCYYGLGLS NEIGAIEKAV120
IWPQYVKDRI HSTYMYLAGS IGLTALSAIA ISRTPVLMNF MMRGSWVTIG VTFAAMVGAG180
MLVRSIPYDQ SPGPKHLAWL LHSGVMGAVV APLTILGGPL LIRAAWYTAG IVGGLSTVAM240
CAPSEKFLNM GAPLGVGLGL VFVSSLGSMF LPPTTVAGAT LYSVAMYGGL VLFSMFLLYD300
TQKVIKRAEV SPMYGVQKYD PINSMLSIYM DTLNIFMRVA TMLATGGNRK K 351

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear
- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 - (iii) HYPOTHETISCH: ja
- 25 (vi) HERKUNFT:

15

35

40

50

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

30

RVAPATVVGG RNIDPNEDTK TRPRPTPRGA PMFRNFSLGA HMATVERPPT MPAVYHAALM 60 RRGPPNIVRG ATTAPITPEC SNQARCFGPG LWSYGIDRTS IPAPTMAAKV TPIVTQEPLI120 MKFMRTGVLL IAMADKAVKP ILPAKYI 147

- 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:
 - (A) LÄNGE: 188 Aminosäuren
 - (B) TYP: Protein
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear
 - (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
- 45 (iii) HYPOTHETISCH: ja
 - (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

RRLEVSYRQH HFRVSLAPWS KMADEATRRV VSEIPVLKTN AGPRDRELWV QRLKEEYQSL 60 IRYVENNKNA DNDWFRLESN KEGTRWFGKC WYIHDLLKYE FDIEFDIPIT YPTTAPEIAV120 PELDGKTAKM YRGGKICLTD HFKPLWARNV PKFGLAHLMA LGLGPWLAVE IPDLIQKGVI180 QHKEKCNQ 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301: (A) LÄNGE: 172 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301: SKFGHIPGPQ RFEMIRQAYF ATPVHLCCLS IQLRNCNFWG SSRICDRNVK LDVKLIFQEV 60 MDIPAFSKPP SSFLVGLQSE PIVVSILVVL HIPDKGLIFL LQSLHPQLTI SGSGVSLQHR120 DLRHNTSRGF IRHLGPGRKR NAEVVLPVAY LKAPSSLLWE DETLGCCKTS FE 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302: (A) LÄNGE: 320 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear (ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja (vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302: AVRRRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60 SPFHDIPIYA DKDVFHMVVE VPRWSNAKME IATKDPLNPI KQDVKKGKLR YVANLFPYKG120 YIWNYGAIPQ TWEDPGHNDK HTGCCGDNDP IDVCEIGSKV CARGEIIGVK VLGILAMIDE180

GETDWKVIAI NVDDPDAANY NDINDVKRLK PGYLEATVDW FRRYKVPDGK PENEFAFNAE240 FKDKDFAIDI IKSTHDHWKA LVTKKTNGKG ISCMNTTLSE SPFKCDPDAA RAIVDALPPP300

55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

CESACTVPTD VDKWFHHQKN

5	(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF
10	(iii) HYPOTHETISCH: ja
	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH
15	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:
20	RVLCSNLHFC IRPAWYFNYH VKHILICINW NIMKWRYILS FLIFEEDSVL QGEGRGALLG60 AEAAHSAGVL PPPLPQSHQP ARGAD 85
	2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:
25	(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren(B) TYP: Protein(C) STRANG: einzel(D) TOPOLOGIE: linear
30	(ii) MOLEKÜLTYP: ORF (iii) HYPOTHETISCH: ja
35	(vi) HERKUNFT: (A) ORGANISMUS: MENSCH :
40	(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:
45	GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSGLK HEDKRGGSGS 60 HNWGTVKDEL TESPKYIQKQ ISYNYSDLDQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120 EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSKSE EAHAEDSVMD180 HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGRG GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240
45	24 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:
50	(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren (B) TYP: Protein (C) STRANG: einzel (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

```
(iii) HYPOTHETISCH: ja
      (vi) HERKUNFT:
          (A) ORGANISMUS: MENSCH
      (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:
10
     SFGILKHAKA LNRRVHKGTR VVLWHPVKPE LGMPLGHPHQ EQKHLTCRSC CHGLGAHHAH60
     VHLVLPCRHV LGGQGLQN
    2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:
15
          (A) LÄNGE: 293 Aminosäuren
          (B) TYP: Protein
          (C) STRANG: einzel
          (D) TOPOLOGIE: linear
20
      (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
      (iii) HYPOTHETISCH: ja
25
      (vi) HERKUNFT:
          (A) ORGANISMUS: MENSCH
30
       (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:
     ATRGAEQDGG ASAARPRRRW AGGLLQRAAP CSLLPRLRTW TSSSNRSRED SWLKSLFVRK 60
35
     VDPRKDAHSN LLAKKETSNL YKLQFHNVKP ECLEAYNKIC QEVLPKIHED KHYPCTLVGT120
     WNTWYGEQDQ AVHLWRYEGG YPALTEVMNK LRENKEFLEF RKARSDMLLS RKNQLLLEFS180
     FWNEPVPRSG PNIYELRSYQ LRPGTMIEWG NYWARAIRFR QDGNEAVGGF FSQIGQLYMV240
     HHLWAYRDLQ TREDIRNAAW HKHGWEELVY YTVPLIQEME SRIMIPLKTS PLQ
    2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:
40
          (A) LÄNGE: 208 Aminosäuren
          (B) TYP: Protein
          (C) STRANG: einzel
45
          (D) TOPOLOGIE: linear
       (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
      (iii) HYPOTHETISCH: ja
50
```

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

5 AHRNSTALLE GRGLQWDHDS GFHFLNKWNC VIYQFLPAMF VPCCIPYVFP GLKIPVSPKM 60 VHHVQLPNLR EESSDGFVTI LSEADCTSPV IAPFNHGSWS ELVRPEFIYI RSGSWHRLIP120 ETELQQELIL PGEKHVTSCL TKFQKFLIFS EFIHDFCEGW IASFIPPEVD SLVLLAIPRV180 PSPHQSTRVV FIFVNLWQHL LTNFVVCF 208

Patentansprüche

- Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273
- b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

5

35

- c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
- Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12,
 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273, oder eine komplementäre oder allelische Vanante davon.
- 3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 1-123, 258-273, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Ovartumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 4. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 27, 32, 42, 46, 67, 76, 78, 80, 85, 88, 90, 108, 112, dadurch gekennzeichnet, daß sie auch in Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.
 - BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
 - Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 7 hybridisieren.

45

- Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
- 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 11. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatonschen Sequenz.
- 13. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geigneter Promotor ist.
- 14. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 12 und 13, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30
 15. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 16.Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 15 erhältlich ist.
- 17. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
 - 18. Wirtszelle gemäß Anspruch 17, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
 - 19. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 17 oder 18, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

- 20. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 17 bis 19 kultiviert werden.
- 21. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307 kodiert wird, das gemäß Anspruch 20 erhältlich ist.
- 22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
- 23. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
 - 24. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307.
- 25. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 25 26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90% iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 27. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.
 - 28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 in einem Phage Display Verfahren.
 - 29. Verwendung der Nukkleinsäure-Sequenzen gemäß Anspruch 3 in einem Phage Display Verfahren.
- 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom.
- 31. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.

- 32. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 in sense oder antisense Form.
- 33. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Ovarialkarzinom.
- 34. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.
 - 35. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 124-257, 274-307.
 - 36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
- 37. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 38. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273.
- 39. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 36, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 40. Verwendung gemäß Anspruch 39, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 41. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

1/10

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

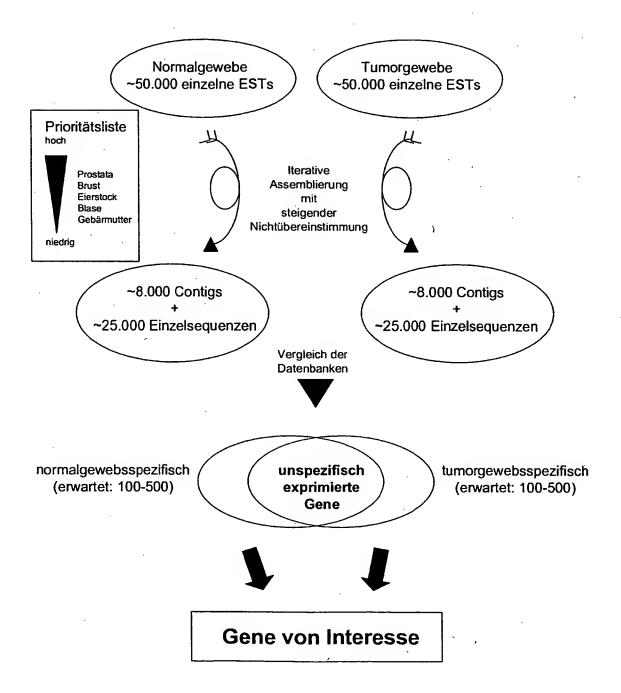


Fig. 1
ERSATZBLATT (REGEL 26)

2/10
Prinzip der EST-Assemblierung

~50.000 ESTs pro Gewebe Assemblierung bei 0% Nichtübereinstimmung mit GAP4 (Staden) **Contigs** Einzelsequenzen Iterative Assemblierung In Anzahl und Länge mit steigender zunehmenden Contigs Nichtübereinstimmung (1%, 2%, 4%) 5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Einzelsequenzen ~30.000 Konsensussequenzen pro Gewebe

Fig. 2a
ERSATZBLATT (REGEL 26)

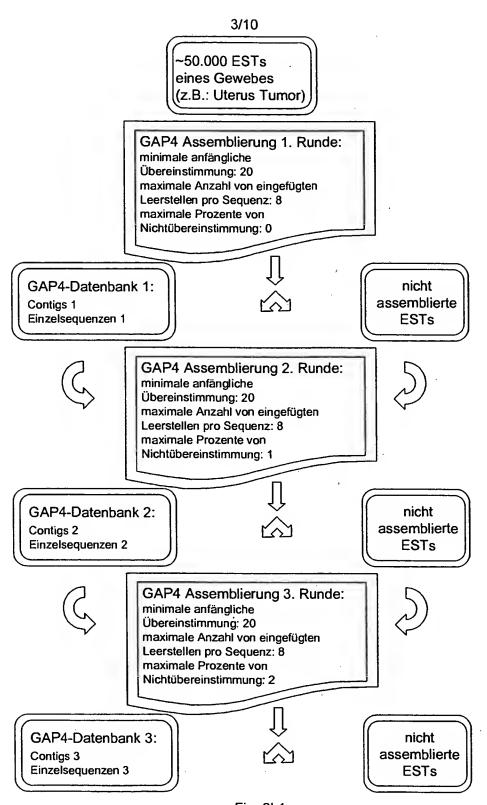


Fig. 2b1

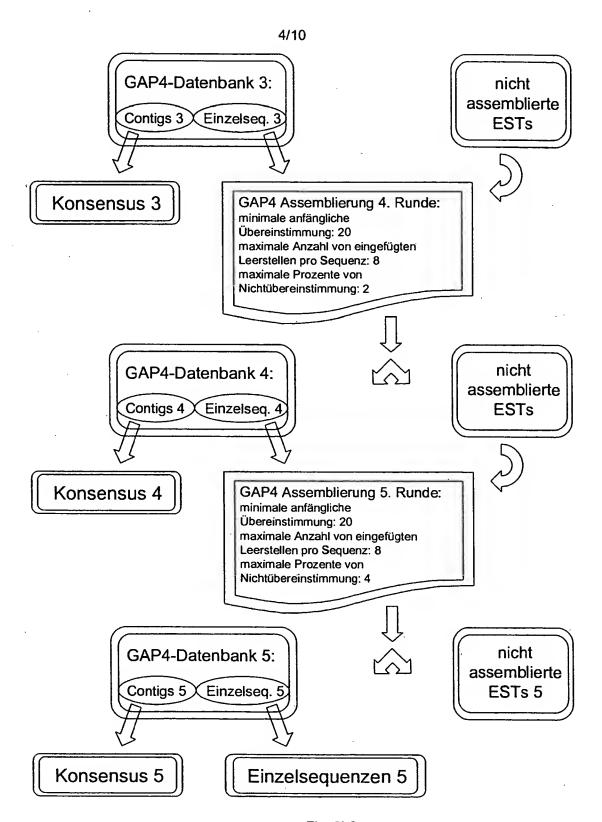


Fig. 2b2

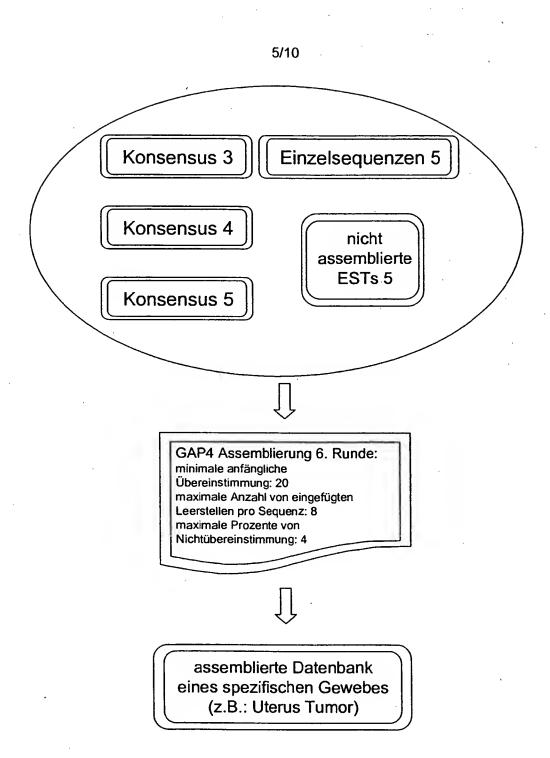


Fig. 2b3

6/10

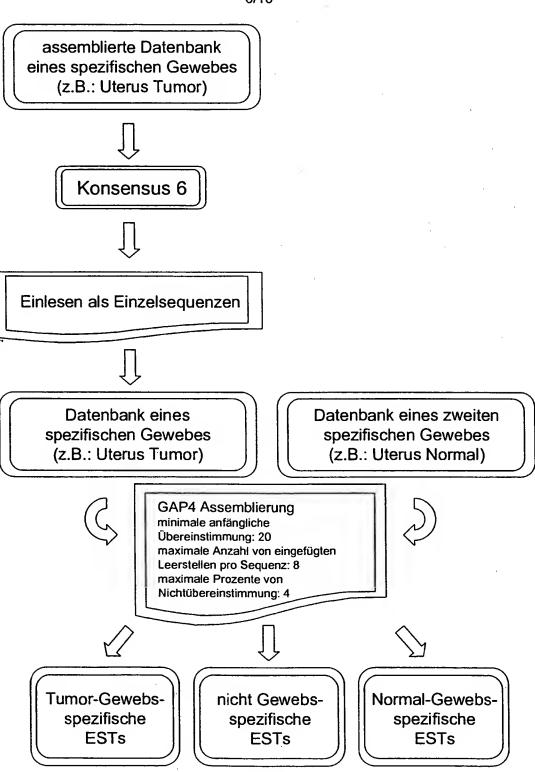
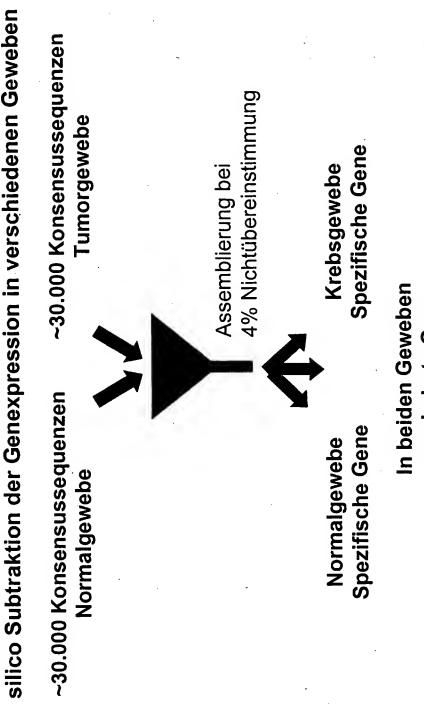


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben



exprimierte Gene

Fig. 3 **ERSATZBLATT (REGEL 26)** 8/10

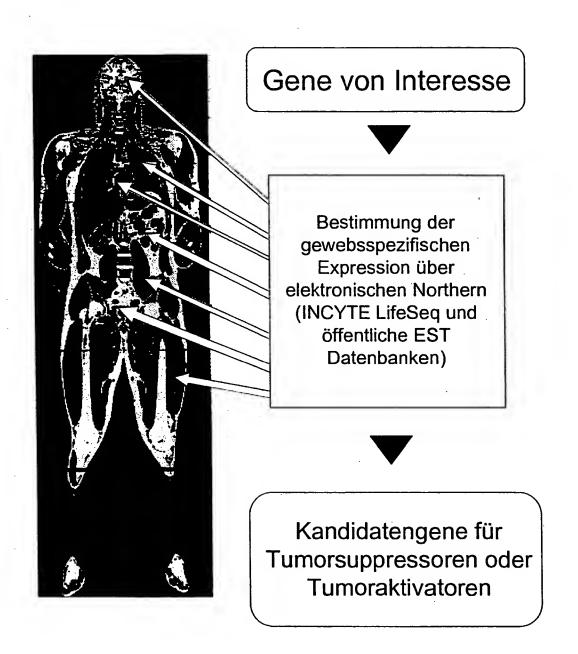


Fig. 4a

PCT/DE99/01087

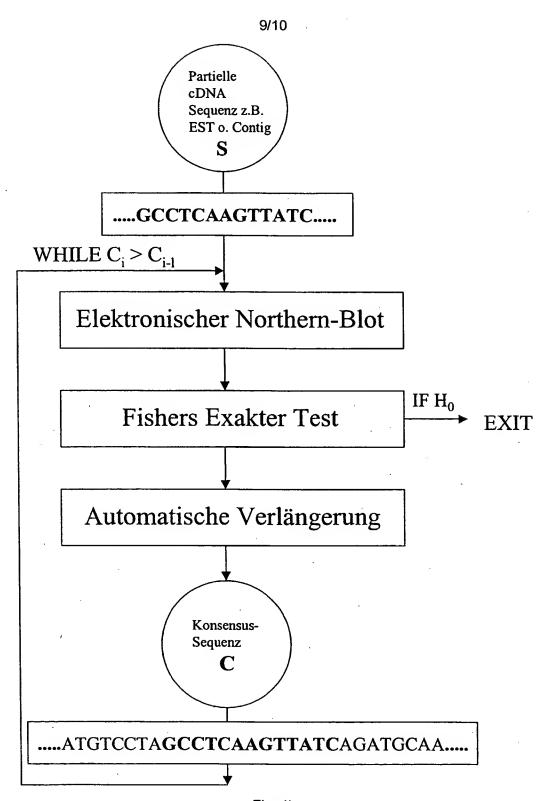


Fig. 4b

WO 99/53040

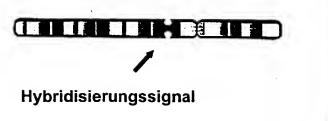
PCT/DE99/01087

10/10

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen

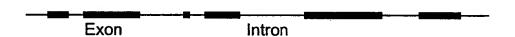


Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH





Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen





Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5